



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

“JÚLIO DE MESQUITA FILHO”

FACULDADE DE ENGENHARIA – CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA

CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

JULIANA PRADO MOREIRA

**GANHO ESPERADO NA SELEÇÃO DE PROGENIES DE *Pinus
elliottii* var. *elliottii* EM IDADE PRECOCE PARA PRODUÇÃO DE
MADEIRA**

Ilha Solteira
2013

JULIANA PRADO MOREIRA

**GANHO ESPERADO NA SELEÇÃO DE PROGENIES DE *Pinus
elliottii* var. *elliottii* EM IDADE PRECOCE PARA PRODUÇÃO DE
MADEIRA**

Dissertação apresentada a Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, para obtenção do título de Mestre em Agronomia – Área de Concentração: Sistemas de Produção.

Prof.^a. Dra. Ananda Virginia de Aguiar

Orientador

Prof. Dr. Mário Luiz Teixeira de Moraes

Co-orientador

Ilha Solteira
2013

FICHA CATALOGRÁFICA

Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

M838g Moreira, Juliana Prado.
Ganho na seleção de progênies de *Pinus elliottii* var. *elliottii* em idade precoce para produção de madeira / Juliana Prado Moreira . -- Ilha Solteira: [s.n.], 2012
54 f. : il.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Especialidade: Sistema de Produção, 2012

Orientador: Ananda Virgínia de Aguiar
Co-orientador: Mário Luiz Teixeira de Moraes
Inclui bibliografia

1. Produção de madeira. 2. *Pinus*. 3. Melhoramento genético. 4. Parâmetros genéticos.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA
FACULDADE DE ENGENHARIA DE ILHA SOLTEIRA

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: GANHO ESPERADO NA SELEÇÃO DE PROGENIES DE *Pinus ellottii* var. *elliottii* PARA PRODUÇÃO DE MADEIRA EM IDADE PRECOCE

AUTORA: JULIANA PRADO MOREIRA -

ORIENTADORA: Profa. Dra. ANANDA VIRGINIA DE AGUIAR

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE EM AGRONOMIA, Área: SISTEMAS DE PRODUÇÃO, pela Comissão Examinadora:


Profa. Dra. ANANDA VIRGINIA DE AGUIAR
Embrapa Florestas / Colombo


Prof. Dr. PEDRO CESAR DOS SANTOS
Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira


Profa. Dra. VALDERES APARECIDA DE SOUSA
Embrapa Florestas / Colombo

Data da realização: 25 de fevereiro de 2013.

A minha mãe Neide P. Q. Moreira e meu pai Guilherme Moreira pelo incentivo e amor incondicional, as minhas irmãs Bárbara e Olivia que amo tanto, a minha avó Helenice dos Santos Moreira pela paciência e compreensão.

OFEREÇO

Ao meu esposo Bruno Felipe Reis da Silva por compartilhar muitos momentos felizes e pela compreensão e paciência, a minha filha Mariah Prado Reis pelo seu amor e carinho de todos os dias.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À pesquisadora Ananda Virginia Aguiar pela orientação, dedicação ao trabalho, pela paciência e por confiar em mim;

Ao Prof. Dr. Mário Luiz Teixeira de Moraes pela co-orientação, pelos ensinamentos, pela amizade e oportunidade de todos os anos de trabalho;

À Selma Maria Bozzite de Moraes pelos ensinamentos de técnicas e trabalho no laboratório, pelo carinho e amizade;

Aos colegas de trabalho do Laboratório de genética de populações e silvicultura pela amizade e convivência;

À Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira e a Embrapa florestas por tornar possível o desenvolvimento desse trabalho;

Aos técnicos e assistentes da Embrapa Florestas, especialmente ao Roberto Carletto, Mario Yamada, Harry Hoffmann e Jonatas Guerde pelo apoio na avaliação do experimento.

À Empresa Pinara pelo apoio na implantação, manutenção e avaliação do teste de progênies e pela contribuição financeira em outras atividades de pesquisa;

A todos aqueles que direta ou indiretamente contribuíram nesta etapa da minha vida.

RESUMO

Pinus elliotti var. *elliottii* é a segunda espécie mais utilizada no Brasil para a produção de madeira de reflorestamento, em regiões subtropicais. A espécie apresenta boa performance na produção de madeira e resina. O objetivo do presente trabalho foi predizer os parâmetros genéticos e o ganho genético possível mediante seleções em idade precoce (3 anos) em progênies de *P. elliottii* para a produção de madeira. O experimento foi estabelecido no delineamento em blocos completos casualizados com 76 tratamentos (75 progênies de um pomar de sementes clonal e uma testemunha comercial), no espaçamento de 3 m x 3 m. A altura total foi avaliada no primeiro, segundo e terceiro anos após o plantio, e o DAP (diâmetro à altura do peito) foi avaliado somente no terceiro ano após o plantio. O volume individual de madeira e o incremento médio anual foram calculados com base nesses caracteres. A análise de *deviance* e as estimativas dos parâmetros genéticos foram realizados baseados nos procedimentos do software Selegen-REML/BLUP. Variação genética significativa foi detectada entre progênies. As herdabilidades individuais no sentido restrito foram de 0,25 e 0,42 em DAP e altura, respectivamente. Conclui-se que a variação genética é suficientemente alta para possibilitar ganhos genéticos mediante seleção dos indivíduos e progênies mais produtivos, visando à composição de pomares de sementes e plantios comerciais, tendo sido observado genótipos mais produtivos do que a testemunha.

Palavras-chaves: melhoramento genético, produção de madeira, pínus, parâmetros genéticos

ABSTRACT

P. elliotii var. *elliottii* is the second most planted fast growing tree species in Brazilian subtropics for wood and resin production. The objective of this work was to predict genetic values of fast growing individuals trees. A trial was established in a randomized complete blocks design involving 76 treatments (75 open pollinated progenies from a clonal seed orchard and a commercial control) in a 3 m x 3 m spacing. Total heights of all individuals were measured at 1, 2, and 3 years after planting and dbh (stem diameter at 1.3 m height) only at 3 years. *Deviance* analysis was performed by using Selegen-REML/BLUP software and genetic parameters were estimated. Significant variation was detected among progenies. Estimates of narrow-sense individual heritabilities were 0.25 and 0.42, respectively, in height and dbh. Some progenies grew faster than the commercial control and the observed genetic variation was sufficiently high to encourage selection to obtain genetic gains in wood production.

Keywords: genetic improvement, timber production, pine, genetic parameters

LISTAS DE TABELAS

- Tabela 1.** Estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres silviculturais em um teste de progênies de *Pinus elliottii*, em Ribeirão Branco, SP.....33
- Tabela 2.** Estimativas das correlações genéticas (r_g = acima da diagonal) e fenotípicas (r_f = abaixo da diagonal) entre os caracteres silviculturais em progênies de *Pinus elliottii* em Ribeirão Branco, SP.....35
- Tabela 3.** Progresso esperado mediante (G_s) a seleção individual de 100⁽¹⁾ e 1500⁽²⁾ indivíduos e tamanho efetivo populacional (N_e) para a altura, DAP e volume em progênies de *P. elliottii* em Ribeirão Branco, SP.....36
- Tabela 4.** Análise de repetibilidade em altura em progênies de *P. elliottii* em Ribeirão Branco, SP.....37
- Tabela 5.** Medidas de dissimilaridade (distâncias generalizadas de Mahalanobis = D^2) entre as progênies de *P.elliottii*, em Ribeirão Branco, SP.....48
- Tabela 6.** Formação de grupos com base no método de aglomeração (Otimização de Tocher) em DAP, altura e volume de progênies de *P. elliotti* Ribeirão Branco, SP.....40

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1. Área plantada de <i>Pinus spp</i> no Brasil em 2011.....	14
Figura 2. Estruturas reprodutivas do <i>P. elliotii</i> (estróbilo masculino e feminino).....	16
Figura 3. Cones de <i>P. elliotii</i>	17
Figura 4. Cones e acículas de <i>P. elliotii</i>	17
Figura 5. Teste de progênes de <i>P. elliotii</i> , base física da Empresa Pinara em Ribeirão Branco, SP.....	25
Figura 6. Mapa do estado de São Paulo, destaque para o município de Ribeirão Branco.....	25

LISTA DE ANEXOS

ANEXO A. Croqui do teste de progênies de <i>P. elliotti</i> em Itapeva (Progênies da Embrapa Florestas).....	50
ANEXO B. Resultados da análise da <i>deviance</i> para altura no primeiro, segundo e terceiro ano após o plantio, diâmetro a altura do peito (DAP), volume (VOL) e incremento médio anual (IMA).....	51
ANEXO C. Valores genéticos aditivos e ganhos genéticos da testemunha comercial de <i>P. elliottii</i> (progênie), para os caracteres de crescimento nos três primeiros anos após o plantio em Ribeirão Branco, SP.....	51
ANEXO D. Valores genéticos aditivos e ganhos genéticos para DAP e volume no terceiro ano após o plantio dos 100 melhores indivíduos de <i>P. elliottii</i> , Ribeirão Branco, SP.....	52

Sumário

1. INTRODUÇÃO	10
2. REVISÃO DE LITERATURA	12
2.1 Considerações sobre a produção de madeira de pínus	12
2.1.1 Características gerais da espécie <i>P. elliottii</i> var. <i>elliottii</i>	15
2.2. Melhoramento genético em <i>Pinus</i>	18
2.3. Seleção precoce no melhoramento genético.....	20
2.4. Teste de progênies	21
2.5. Estimativas de Parâmetros genéticos.....	23
3. MATERIAL E MÉTODOS	25
3.1 Material.....	25
3.2. Métodos	26
3.2.1. Coleta de dados.....	26
3.2.2. Estimativa de componentes da variância e parâmetros genéticos	27
3.2.3. Estimativa do tamanho efetivo populacional e o ganho esperado com a seleção.	29
3.2.4. Correlações genéticas, repetibilidade e diversidade genética.....	29
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	31
4.1. Análise de deviance e Estimativas dos parâmetros genéticos para os caracteres de crescimento e volume	31
4.2. Estimativas das correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres de crescimento e volume	33
4.3 Estimativa de ganhos genéticos e repetibilidade	35
4.4. Medidas de dissimilaridade pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e pelo método de otimização de Tocher.....	37
4. CONCLUSÕES.....	41
5. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	42
ANEXOS	48

1. INTRODUÇÃO

Brasil é um dos maiores produtores de madeira do mundo. Comparado aos Estados Unidos, Canadá e China, o país apresenta um potencial produtivo superior devido a alguns fatores como solo, condições climáticas, pesquisa e desenvolvimento, mão-de-obra qualificada e organização de mercado (MENDES e COUTO, 2012).

As plantações florestais no Brasil iniciaram-se por volta de 1960 e, podem ser dividida em dois importantes marcos: o dos períodos dos anos de 1960 e 1970 que se caracterizaram pela política de incentivos fiscais aos plantios florestais, quando ocorreu o rápido desenvolvimento de alguns segmentos como o da energia da biomassa e da celulose e papel; e o período dos anos 1980 a 2000, quando segundo a ABRAF (2011), ocorreu a consolidação do mercado florestal, configurando o cenário que se estende até o presente.

O aumento da produtividade e a expansão das áreas de florestas plantadas foram fatores fundamentais para a sustentação do mercado florestal. Isso se deve, principalmente, às tecnologias desenvolvidas na área de melhoramento genético, manejo e silvicultura, bem como ao alto potencial produtivo de algumas espécies exóticas como as dos gêneros *Pinus* e *Eucalyptus*. Entre as espécies madeireira do gênero *Pinus* a espécie *P. elliottii* var. *elliottii* é a segunda mais plantada comercialmente no sul e sudeste do país devido às características favoráveis da sua madeira (fibra longa e permeabilidade), a alta produtividade tanto em madeira quanto em resina e sua adaptação em locais de baixa temperatura e/ou alta ocorrência de geadas.

A madeira de pínus é usada, também, para de bens de alto valor agregados como madeira para construção, remanufaturados, molduras, produtos beneficiados e pré-acabados (portas, janelas e torneados), armários e gabinetes, semiacabados (banho, cozinhas, tampos), móveis (domésticos, comerciais, jardim), *pallets*, *containers*, estruturas e casas pré-fabricadas (ABIMCI, 2007). Para atender o cenário atual tem-se buscado, principalmente, avançar em programas de melhoramento genético de pinus visando obter populações melhoradas de alta produtividade que atendam os diferentes nichos do mercado.

Um dos problemas enfrentados pelos melhoristas e pelas empresas é o longo ciclo de seleção que, para espécies perenes de clima temperado, como no presente caso do *P. elliottii*, é de 25 a 30 anos (PEREIRA et al., 1997). Assim, a principal opção para se reduzir esse período é a seleção precoce ou ultra precoce (seleção no âmbito do genoma), que permite identificar características de interesse comercial em árvores na idade juvenil ou até em

plântulas. Por esses métodos, é possível predizer, com base na performance em idade juvenil, o desempenho do indivíduo em idade adulta, reduzindo-se assim o ciclo de seleção (GONÇALVES et al., 1998).

A avaliação de testes de progênies em idade precoce, aliada à tecnologia da seleção no âmbito do genoma, vem sendo validada em programas de melhoramento florestal visando, principalmente, à redução no ciclo de melhoramento de pínus para nove a 10 anos, tem contribuído para um aumento expressivo na porcentagem de ganho. Avaliações precoces possibilitam a estimativa de correlações genéticas dos valores genéticos (ou fenótipos) entre as idades precoces e de corte, entre os valores genéticos e valores genéticos genômicos, bem como a predição da eficiência do ganho esperado com a seleção aplicada em diferentes idades. Com base nessas informações, será possível definir o tempo necessário para aplicar a seleção sem comprometer a sua eficiência e a finalidade do processo. A principal vantagem consiste na probabilidade de se descartar, mais rapidamente, os genótipos que indesejados nas primeiras etapas do programa de melhoramento, visando à redução do ciclo de melhoramento e, conseqüentemente, a identificação de genótipos mais produtivos rapidamente. O presente trabalho teve como objetivo a estimativa de parâmetros genéticos e verificar viabilidade da seleção de *P. elliotii* var. *elliotii* a partir de caracteres de crescimento aos três anos de idade para compor povoamentos produtores de sementes.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Considerações sobre a produção de madeira de pínus

Espécies de pínus são plantadas em vários países, e valorizadas pelas características de sua madeira como a cor clara, celulose de fibra longa que é apropriada para fabricação de papel de alta resistência, produção de resina em escala comercial, em algumas espécies, rusticidade e tolerância a diferentes condições edafoclimáticas, possibilitando o plantio em solos marginais para agricultura. A última característica desse gênero, condições de adaptação das espécies aos solos ácidos do Brasil, possibilitou a implantação de extensas áreas de plantios comerciais tornando-a sua madeira uma importante fonte de matéria-prima (KRONKA et. al., 2005). Além disso, tem proporcionado agregação de valor à terra com a produção adicional de madeira, formação de cobertura protetora do solo e reconstituição de ambiente propício à recomposição espontânea da vegetação nativa em ambientes degradados (SHIMIZU e MEDRADO, 2005).

O gênero *Pinus* pertence a família Pinaceae a qual possui mais de 100 espécies e ocorre naturalmente na Europa, Ásia, América do Norte e principalmente na América Central (LIMA et. al., 1988). Apesar disso, poucas são usadas economicamente para produção de madeira no mundo, devido principalmente a adaptação as diferentes condições edafoclimáticas (HIGA e WREGGE, 2005).

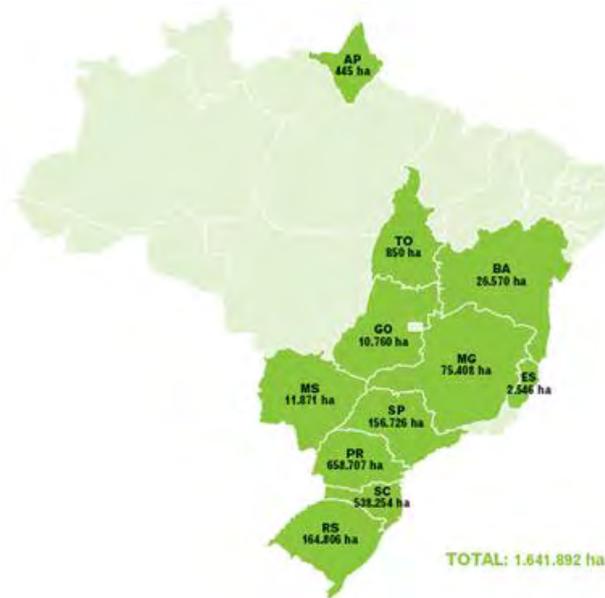
Nos anos 70, no contexto da concessão de incentivos fiscais às florestas plantadas, chegou-se à conclusão que devido as condições climáticas e pedológicas do Brasil, o plantio de espécies produtivas como o *Pinus elliottii* e de *Pinus taeda* seria a melhor opção para resultados econômicos rentáveis nas regiões sul e sudeste do Brasil (ABRAF, 2006).

Atualmente, as toras de árvores do gênero *Pinus* são utilizadas em grande escala, devido ao seu potencial silvicultural, fundamental para sustentar a demanda industrial, sendo as espécies mais plantadas, *P. elliottii* e o *P. taeda*, em regiões de clima temperado e *P. caribaea* var. *hondurensis* e *P. oocarpa* em clima tropical. A principal justificativa do seu plantio deve-se, principalmente, as propriedades e a importância florestal e econômica de suas madeiras, as quais vêm sendo empregadas para várias finalidades, como na indústria laminadora, que a utiliza para fabricação de compensados; na de serrados, que a transforma em madeira beneficiada ou é convertida em móveis; na de papel e celulose; e na de painéis (MDF e MDP). Além disso, a espécie tem sido aproveitada em pequena escala para produção de biomassa para geração de vapor e energia (CARGNIN, 2005).

As espécies do gênero pinus, além da madeira produzem a resina, porém, são poucas as que produzem esse composto em quantidade mínima de ser explorada economicamente. No Brasil, a principal espécie utilizada para produção comercial de resina é *P. elliottii* var. *elliottii*, que foi amplamente difundida nos reflorestamentos, nas regiões Sul e Sudeste do país (SHIMIZU e SPIR, 1999). Portanto, trata-se de uma das espécies fundamentais para o fornecimento de matéria-prima, para esses estados (BALLARIN e PALMA, 2003), uma vez que o Brasil é o segundo maior produtor de resina do mundo.

Em 2011, a área ocupada por plantios florestais de *Eucalyptus* e *Pinus* no Brasil totalizou 5 milhões de ha, correspondente a 25,2 % da área de plantios de *Pinus*, (1,6 milhões de ha) e 74,8 %, da área de plantios de *Eucalyptus* totalizando 4,87 milhões de ha, representando crescimento de 2,5 % (119.617 ha) frente ao indicador de 2010. A área de plantios de pinus totalizou 1.641.892 ha em 2011, valor 6,5% inferior ao registrado em 2010 (Figura 1) (ABRAF, 2012). Tal diminuição ocorreu devido à rotação de áreas plantadas no país, uma vez que as espécies de *Eucalyptus* apresentam maior potencial produtivo e, atualmente tem-se no mercado maior opção de cultivares (clones) adaptada em diferentes condições edafoclimáticas e para diversas finalidades. Já as florestas de pinus de pinus, que ficaram restritas aos estados do Sul e Sudeste do Brasil. Porém, com a advento de novas tecnologias, processo de formação de híbridos e mudanças climáticas os povoamentos florestais desse gênero poderão ser ampliados.

Figura 1. Área plantada de *Pinus spp* no Brasil em 2011.



Fonte: Associações individuais e coletivas da ABRAF (2012) e diversas fontes compiladas por Pityr Silveira (2012).

Fonte ABRAF, 2012

A redução de florestas plantadas com as espécies de pinus gerou um déficit no suprimento de toras, e conseqüentemente na produção de madeira de fibras longas (ABRAF, 2012), podendo gerar um impacto no setor madeireiro que necessita de matéria-prima para produção de materiais como caixotes e papéis com maior resistência. Desta forma é necessário o incentivo ao melhoramento dessas espécies devido à características de sua madeira e rápido crescimento, apresentando um papel fundamental para a economia do país (SEBBENN et al., 2008). Os principais estados produtores de pínus em 2011 foram Paraná e Santa Catarina com, 40,1 % e 32,8 % respectivamente. Assim a região Sul do país detém a produção no país com 83 % (ABRAF, 2012).

Hoje o Brasil ocupa o 3º lugar no *ranking* de produção mundial de celulose, fibra longa e curta, perdendo para os Estados Unidos e Canadá. No que diz respeito a produção de madeira serrada o Brasil ocupa o 11º, sendo responsável por 1,2 % no mercado internacional, para a produção de painéis compensados o Brasil permanece em 8ª posição contribuindo com 6,2% nas exportações (ABRAF, 2012).

Tanto para produção de madeira serrada quanto para painéis compensados o Brasil perdeu sua posição deixando o 9º e o 6º lugar respectivamente já que os preços de exportação

se mantiveram constantes e os valores recebidos pelos produtores caíram em 61,5 % e 19,8 %, respectivamente (ABRAF, 2012).

Portanto a introdução dessas espécies florestais no Brasil trouxe grandes benefícios para o desenvolvimento social e econômico do país (FURLAN et al., 2007), sendo que o uso e aplicação da madeira do gênero *Pinus* nas últimas três décadas cresceu substancialmente transformando-a em matéria-prima fundamental para movimentar um setor produtivo de relevante importância para a economia brasileira (VASQUES et al., 2007)

O ano de 2011 foi marcado por importantes ganhos na balança comercial do setor de base florestal, a despeito de vários fatores contrários, como a taxa de câmbio sobre valorizada e a pressão inflacionária. Os segmentos de madeira processada mecanicamente (exceto móveis) e papel e celulose exportaram USD 7,9 bilhões, um crescimento de 5,2 % sobre os USD 7,5 bilhões exportados no ano anterior. Da mesma forma, a participação do setor florestal na balança comercial nacional também foi significativa, representando 19,2 % do saldo total (ABRAF, 2012).

Atualmente, a maioria da madeira de reflorestamento de pínus produzida no Brasil é certificada, obedecendo a normas de sustentabilidade. Os reflorestamentos trazem benefícios sociais e econômicos à sociedade, que necessita da madeira, protegendo as matas nativas, já que o homem ao usar a madeira de povoamentos florestais, deixa de explorar predatoriamente as matas naturais, além de proporcionar a regeneração das características do solo degradado, evitando a erosão e aumentando a capacidade de retenção de água (VASQUES et al., 2007).

2.1.1 Características gerais da espécie *P. elliottii* var. *elliottii*

A espécie *P. elliottii* var. *elliottii* pertence à família pinaceae e, assim como toda as espécies do gênero, é uma planta heliófila, de rápido crescimento. A maior parte das coníferas, como o pínus, são monóicas, onde estruturas femininas e masculinas unissexuais (estróbilos) são encontradas em um mesmo indivíduo (Figura 2).

O *P. elliotti* atinge de 15-30 m de altura, possui a casca sulcada inicialmente de cor acinzentada depois passando para marrom que se desprendem em placas grandes e largas (LORENZI et al., 2003). As acículas são dispostas aos pares ou grupos de três por fascículo, de cor verde escura com a margem denteada (Figura 3) e, segundo Marchiori (1996), a identificação de muitas espécies do gênero *Pinus* está associada às características de suas acículas (Figura 4). As estruturas reprodutivas masculinas, os estrobilos são numerosos

dispostos em feixes (Figura 2), os frutos são os cones (Figura 3) sendo terminais, ovoides marrons com escamas que terminam em ápice forte e cinzento (LORENZI et al., 2003).

Figura 2. Estruturas reprodutivas do *P. elliotii* (estróbilo masculino e feminino).



Fonte: Ananda V. de Aguiar

Figura 3. Cone de *P. elliotii*.



Fonte: Ananda V. de Aguiar

Figura 4. Cones e acículas de *P. elliotii*.



Fonte: Emilio Rotta

A região de ocorrência natural da espécie engloba o Estado da Carolina do Sul até o centro da Flórida ao sudeste do Estado da Lousiana, em uma estreita faixa próxima ao Oceano Atlântico no sudoeste dos Estados Unidos (PAIT et al., 1991, DORMAN e SQUILLACE, 1974). A espécie tem uma preferência por solos ácidos e arenosos localizados sobretudo em baixadas e junto a cursos de água, bem como de maneira geral em áreas com o lençol freático próximo a superfície.

No Brasil, esta variedade requer clima fresco com inverno frio e umidade constante durante o ano. *P. elliotii* var. *elliotii* é uma das espécies mais plantadas nas Regiões Sul e

Sudeste, porém, em menor escala do que *P. taeda*, visto que sua madeira não é usada pelas indústrias de celulose e papel mas, sim, para produção de madeira para processamento mecânico e na extração de resina (HIGA e WREGE, 2005).

A espécie apresenta resistência à geada e alta produtividade nas regiões onde é plantada, a região Sul, como um todo, parte do Sudeste, no Estado de São Paulo e nas regiões serranas do sul de Minas Gerais (SHIMIZU, 2006, SHIMIZU e SEBBENN, 2008).

É uma espécie de grande importância econômica devido às excelentes propriedades físicas e químicas, de sua madeira e resina, respectivamente. O uso de sua madeira é restrito ao processamento mecânico devido ao alto custo de extração de resina de madeira para outras finalidades (SHIMIZU, 2008).

Nos Estados Unidos, a madeira do *P. elliotii* é empregada para construções pesadas e leves, bem como na confecção de embarcações e caixas. A madeira preservada é transformada em postes e vigas. No Brasil é utilizada para construções, como tábuas, caibros, revestimento interno, etc. O *P. elliotii* var. *elliotii* também fornece madeira de fibras longas, própria para a fabricação de papel e celulose (EMBRAPA, 2001).

2.2. Melhoramento genético em *Pinus*

Os estudos na área da silvicultura surgiram no século XX com a necessidade de suprir a demanda de madeira devido ao processo de grande devastação de florestas nativas. Eles incentivaram a pesquisa de espécies exóticas na silvicultura como espécies do gênero *Pinus*, que é largamente utilizado nos reflorestamentos visando a produção de fibras longas em substituição à *Araucaria angustifolia* (BARRICHELO, 1979).

Desde o início da atividade florestal no Brasil observou-se uma demanda constante por sementes com qualidade genética por empresas do setor madeireiro e resinífero. Porém, poucas são as empresas que investem em programas de melhoramento genético. A maioria delas, de pequeno e médio porte, adquire as sementes para seus plantios de empresas privadas ou instituições públicas que detém programas de melhoramento genético. Diante do aumento da demanda por sementes melhoradas e a diversificação do setor, verifica-se a necessidade de um programa de melhoramento mais abrangente, em parceria com o maior número de empresas e produtores, visando atender os principais nichos desse setor. Neste sentido, o melhoramento de planta consiste em aumentar a produtividade, a obtenção de matéria-prima de maior qualidade, a melhoria nas condições adaptativas das espécies, a tolerância a pragas e

doenças e ainda a manutenção da variabilidade genética, requisito fundamental para a obtenção de ganhos genéticos em longo prazo (MORI,1993).

No melhoramento genético de espécies perenes, após selecionar o germoplasma a ser melhorado, advém a necessidade de se dimensionar a população-base inicial a ser trabalhada, que deve conter variabilidade genética suficiente para o melhoramento no curto e longo prazos. Nesse caso, segundo Resende (1999), o ideal é iniciar com uma população-base representada por um número elevado de progênies, a fim de permitir alta intensidade de seleção já nas primeiras gerações e, simultaneamente, manter o tamanho efetivo compatível com o melhoramento no longo prazo.

A identificação dos genótipos superiores que farão parte de um programa de melhoramento genético é realizada por meio de seleção genética para os caracteres de interesse a partir de parâmetros genéticos estimados (RESENDE, 2002a).

Para as espécies de pínus cuja finalidade é produção de resina e madeira a seleção é dirigida no sentido de se identificar árvores com alta produção e qualidade de resina, associadas à alta produção e qualidade da madeira (SQUILLACE, 1964). Assim tornou-se necessário a obtenção de populações melhoradas que satisfaçam as exigências da produtividade florestal, o que depende da capacidade de identificar genótipos desejados na população sob seleção (SAMPAIO et al., 2000).

A principal estratégia de seleção usada no melhoramento de uma espécie é a recorrente. A seleção recorrente é uma técnica de melhoramento de populações que tem por objetivo a concentração de alelos favoráveis ao longo dos ciclos de melhoramento, mantendo a variabilidade genética da população. As principais estratégias de seleção recorrente são a intrapopulacional, quando se visa melhorar uma população e tem como unidade de seleção o indivíduo ou a progênie, e a recíproca conhecida também como seleção recorrente interpopulacional, quando visa melhorar duas populações, buscando a heterose entre elas.

Depois de se estabelecer a estratégia de seleção também se define os métodos de seleção, podendo ser massal, dentro de progênies e/ou entre progênies, combinada, etc. Na seleção massal, plantas são selecionadas fenotipicamente. Somente informações do fenótipo são consideradas. Desta forma para esse tipo de seleção se utiliza caráter de alta herdabilidade (BORÉM e MIRANDA, 2009). A seleção entre e dentro de progênies é realizada levando em consideração o desempenho médio das progênies e indivíduos dentro das progênies para todas as repetições e locais de avaliação. As melhores progênies e indivíduos deverão ser recombinadas para a formação do próximo ciclo, utilizando sementes remanescentes (BORÉM e MIRANDA, 2009).

O melhoramento genético do gênero *Pinus*, principalmente das espécies de maior valor econômico, tais como *P. taeda*, *P. elliottii* e *P. caribaea* var. *hondurensis*, tem-se voltado para papel, celulose de fibra longa, madeira serrada e para extração de resina (RESENDE 1999; EMBRAPA, 2011), possibilitou significativos ganhos de produtividade de madeira a cada ciclo de seleção, contribuindo também para a melhoria da qualidade da matéria prima.

2.3. Seleção precoce no melhoramento genético

Para os programas de melhoramento genético de espécies florestais, o tempo é um fator crítico, pois a exploração envolve ciclos longos, demorados e onerosos (BELTRAME, 2012, KAGEYAMA e VENCOVSKY, 1983; GONÇALVES et al., 1998). Como exemplo tem-se as espécies de *Pinus* que para completar um ciclo seletivo leva de 15 a 20 anos e para grandes plantações isso se reflete em gastos com matéria-prima e mão de obra. A principal alternativa para reduzir o tempo nos ciclos seletivos é a partir da seleção precoce, que busca identificar características das árvores em idade juvenil que estejam relacionadas com aquelas de interesse econômico na fase de rotação, ou seja, predizer nos indivíduos em estádios o mais juvenil possível o desempenho de um indivíduo adulto, diminuindo assim o tempo se completar um ciclo de seleção, resultando em maior ganho genético por unidade de tempo (PEREIRA et al., 1997; GONÇALVES et al., 1998).

Reduzindo o período de testes pode-se descartar mais rapidamente o material inferior, a recomendação de novos clones para o plantio comercial será realizada mais prontamente, o ciclo de melhoramento será reduzido, o programa de clones mais produtivos será acelerado e o tempo entre as gerações será menor (WU, 1998).

Kageyama (1983) afirma que diversos autores têm se preocupado com a seleção em espécies florestais, os quais são unânimes em afirmar que, para se aumentar a taxa de ganho genético, a seleção precoce é necessária e assume grande importância na maioria dos programas de melhoramento florestal. O sucesso da utilização da seleção precoce em essências florestais tem sido realçado em várias oportunidades, como eucalipto (PEREIRA et al. 1997; BELTRAME et al., 2012), *Hevea brasiliensis* (GONÇALVES et al., 1998), *Pinus elliottii* (ROMANELLI e SEBBENN, 2004).

Assim, a eficiência da seleção precoce está intimamente relacionada à existência ou não de correlação genética entre os caracteres na idade juvenil e adulta (FALCONER, 1981). Pereira et al. (1997) relatam que em um grande número de casos a associação entre o

desempenho da planta ou família jovem com a adulta foi alta, indicando que nessas situações a seleção precoce seria eficaz, como também observou Massaro et al., 2010 em testes clonais a possível seleção aos dois anos em *Eucalyptus*, Beltrame et al., 2012 também em clone de *Eucalyptus* aos três anos.

As desvantagens dos testes de geração precoce estão no comprometimento de parte dos recursos genéticos para avaliação em populações precoces, a limitação do número de indivíduos representados por ano, e pouca eficiência em características de baixa herdabilidade. Por outro lado apresenta consideráveis vantagens por tornar os programas de melhoramento das espécies florestais mais eficientes em termos de tempo e custos, necessários para condução e manutenção dos testes genéticos e também, por excluir indivíduos inferiores nas primeiras etapas do processo, viabilizando a obtenção mais rápida dos indivíduos promissores para condução do programa de melhoramento, principalmente para a realização da clonagem.

2.4. Teste de progênies

Programas de melhoramento florestal, em geral, utilizam os testes de progênies para quantificar a herança de caracteres quantitativos de valor econômico, bem como estimar ganhos genéticos esperados pela seleção, tendo como objetivo o aumento da produtividade, a obtenção de matéria-prima de maior qualidade, a melhoria nas condições adaptativas das espécies, a tolerância a pragas e doenças e ainda a manutenção da variabilidade genética, requisito fundamental para a obtenção de ganhos genéticos em longo prazo (MORI,1993).

Os testes de progênies são representativos das populações naturais que se deseja caracterizar geneticamente para a realização de programas de melhoramento que estão sempre voltados para seleção dos melhores genótipos (SHIMIZU et al., 1982). Desta forma visam avaliar o valor genético do material em estudo, fornecer subsídios para a estimativa de parâmetros genéticos, principalmente da herdabilidade das características consideradas na seleção (FONSECA et al., 1978a).

Antes da implantação de um teste de progênies, é essencial a escolha da espécie adequada para região, bem como um teste de procedências para identificar a origem do material mais adaptado às características do local de plantio. Para *P. elliotii*, as melhores procedências para produção de resina são oriundas do norte da Flórida (SHIMIZU; SPIR, 1999). O maior potencial de crescimento do material da Flórida também foi constatado na região Sul e Sudeste do Brasil (FONSECA et al., 1978a).

Pela facilidade de condução os testes de progênies de polinização livre (meios-irmãos), são os mais utilizados em programas de melhoramento em espécies florestais. A validade deste método deve estar fundamentada na pressuposição de que todas as árvores selecionadas contribuem equitativamente com seu pólen e que elas estejam igualmente receptivas à fecundação no mesmo período (SHIMIZU et al., 1982).

Matheson e Raymond (1984) relatam que os testes de progênies são usados para determinar o valor dos pais em programas de melhoramento, os quais são utilizados também para se fazer inferências sobre as progênies. Estes são importantes para o trabalho do melhorista, e têm sido usados na estimação de parâmetros genéticos e seleção de indivíduos, quando se procura avaliar a magnitude e a natureza da variância genética, conservação genética de populações, determinação da estrutura genética de populações, determinação do valor genético de matrizes e gerar indivíduos para seleção recorrente (SHIMIZU et al., 1982; COSTA et al., 2008). Os mesmos são realizados quando se deseja testar a superioridade que visualmente certo indivíduo apresenta. Pelo teste de progênies, é possível saber se a superioridade de um indivíduo é devido à sua constituição genética superior, ou se é devido a uma condição ambiental favorável (ASSIS, 1996).

Para resultados satisfatórios, em sua análise, a coleta de dados normalmente é feita de todas as plantas por parcela quando se trabalha com caracteres como altura, diâmetro e volume pela facilidade. No entanto quando se trata de caracteres do tipo comprimento de acículas, densidade básica da madeira e composição da madeira, é recomendada apenas a mensuração da árvore mais desenvolvida, devido ao alto custo da mensuração de todas as plantas por parcela (KUNG, 1977).

Para instalação dos testes de progênies os delineamentos mais utilizados são os de blocos (completos ou incompletos) ou látice (número elevado de genótipos). Os vários delineamentos são, em geral, adequados para a estimação de parâmetros genéticos e para a seleção de genitores com base no comportamento de suas progênies. Para estes objetivos, o delineamento experimental em blocos completos casualizados, com famílias de meios-irmãos e uma planta por parcela, é especialmente recomendado (WHITE, 1996) e o mais apropriado também para a estimação de correlações genéticas e estudos de interação genótipo x ambiente (COSTA et al., 2006). As principais vantagens deste delineamento sobre aqueles com várias plantas por parcelas, está no aumento da acurácia seletiva e herdabilidade, na possibilidade de avaliar vários genótipos por blocos, mantendo este um tamanho aceitável, e ausência de efeitos de competição (RESENDE e BARBOSA, 2005).

O teste de progênies de espécies arbóreas é fundamental em programas de melhoramento para se conhecer a extensão da variabilidade genética entre e dentro de progênies, o grau de controle genético em caracteres de interesse econômico e prever os progressos genéticos possíveis de serem obtidos mediante seleção de matrizes (SEBBENN et al., 2008).

2.5. Estimativas de Parâmetros genéticos

A obtenção de populações melhoradas que satisfaçam as exigências da produtividade florestal depende da capacidade de identificar genótipos desejados na população sob seleção (KAGEYAMA, 1980). Portanto a estimativa dos parâmetros genéticos são utilizadas para obter informações sobre o tipo de ação dos genes em caracteres quantitativos, orientação sobre o esquema mais adequado de seleção a ser adotado estimando o progresso esperado na seleção (VENCOVSKY, 1969).

As estimativas dos componentes de variância e de parâmetros genéticos são necessárias para a predição de ganhos genéticos. Os parâmetros genéticos que interessam ao melhorista, e que são frequentemente visados nos estudos envolvendo progênies, se referem às variâncias genéticas em suas componentes aditivas e não aditivas, ao coeficiente de herdabilidade, as interações dos efeitos genéticos e ambientais e finalmente as correlações genéticas entre os caracteres (SHIMIZU et al., 1982, COSTA, 1999).

A variância genética aditiva é o componente mais importante, pois é a principal causa da semelhança entre parentes, logo ela é o principal indicador das propriedades genéticas observadas em uma população e sua resposta à seleção (FALCONER, 1981). O estudo da variação total e a estimativa dos seus componentes possibilitam ao melhorista o conhecimento da estrutura genética do material em teste, a contribuição genética total para cada caráter, bem como o progresso potencial quando da seleção por determinado método de melhoramento (FALCONER, 1981).

As estimativas de herdabilidade são ferramentas de maior importância para os melhoristas, pois expressam a quantidade da variabilidade genética disponível numa população proporcionando o conhecimento da magnitude relativa das variações genéticas e ambientais (WRIGHT, 1976). Devido a isso, o coeficiente de herdabilidade participa quase sempre, de todas as formulas relacionadas com a predição de ganho genético dos métodos de melhoramento e, também, de inúmeras decisões praticas (MIRANDA, 2012).

Para a obtenção de ganhos genéticos ressalta-se a importância do monitoramento da base genética, a fim de evitar perdas excessivas de variabilidade, o que compromete os objetivos do programa de melhoramento (MORI, 1993).

A estratégia do melhoramento depende assim, principalmente do estudo genéticos dos caracteres a ser melhorados (RESENDE et al., 1995), portanto realizam-se as estimativas de parâmetros genéticos, pois possibilitam a obtenção de informações sobre a natureza da ação gênica envolvida na herança dos caracteres e fornece base para a avaliação dos planos do melhoramento (MISSIO, 2004).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material

As sementes utilizadas na implantação do teste de progênie foram procedentes de um pomar clonal de *P. elliotii* implantando em Colombo, Paraná, em dezembro de 1979 (latitude 25° 17' 30" S e longitude 49° 13' 27" W), à altitude de 1.027 metros. Esse pomar é composto por matrizes selecionadas de quatro povoamentos florestais nos estados de São Paulo e Paraná (Capão Bonito, SP, Teixeira Soares, PR, Itapetininga, SP e Buri, SP) .

Em 2000, foram coletadas sementes de 75 clones do pomar clonal sendo sete deles clones procedentes de Buri, 29 de Campão Bonito, 33 de Itapetininga e seis de Teixeira Soares). As sementes foram armazenadas em câmara fria em a -5 °C até setembro de 2008, quando uma parte de cada lote de sementes foi usada para a instalação do teste de progênes. As mudas foram produzidas em um viveiro próximo ao local de plantio e o teste plantado em abril de 2009. O teste de progênes de *P. elliotii* (Figura 1) foi implantando na base física da Empresa Pinara em Ribeirão Branco, SP, localizada a uma latitude 24° 13' 15" S e a uma longitude 48° 45' 56" W, com uma altitude de 875 m. O local apresenta clima subtropical, com relevo acidentado e montanhoso (Figura 2).

Figura 5. Teste de progênes de *P. elliotii*, base física da Empresa Pinara em Ribeirão Branco, SP.



Fonte: Roberto Carletto

Figura 6. Mapa do estado de São Paulo, destaque do município de Ribeirão Branco.



Fonte: Ananda V. de Aguiar

Para implantação do teste foi utilizado o delineamento experimental em blocos completo ao acaso composto por 76 tratamentos (75 progênes de polinização livre e uma testemunha comercial), 40 blocos com parcelas de uma planta (ANEXO A), no espaçamento de 3 metros x 3 metros. Esse arranjo possibilita alta representatividade de progênes, reduzindo a probabilidade de cruzamentos entre indivíduos aparentados, mesmo com seleção individual dentro de progênes. Esse delineamento foi adotado para possibilitar a formação de um pomar de sementes por mudas após a avaliação e descarte das progênes de baixo desempenho. Segundo Resende e Duarte (2007), o grande número de repetições contribui para obter melhores estimativas dos valores genéticos e, conseqüentemente, alta acurácia, uma vez que este parâmetro consistir em, basicamente, da proporção entre a variação residual média e a genotípica, sendo que a variação residual média depende do número de repetições.

3.2. Métodos

3.2.1. Coleta de dados

As medições da altura total foram realizadas nos três primeiros anos após o plantio (2010, 2011 e 2012). A circunferência à altura do peito foi medida somente ao terceiro ano após o plantio. Com base nesses dados, foram calculados o diâmetro à altura do peito, o volume cilíndrico e o incremento médio anual, conforme as expressões:

a)

$$DAP = \frac{CAP}{\pi}$$

DAP = diâmetro à altura do peito,

CAP = circunferência à altura do peito.

b)

$$VOL = \frac{\pi(DAP)^2 \cdot FF}{40000} ALT$$

VOL = volume

ALT = altura total

FF= fator de forma do fuste

c)

$$IMA = Y_t / t_0$$

IMA = incremento médio anual

 Y_t = dimensão da variável considerada t_0 = idade a partir do tempo zero.

A altura total foi mensurada com uma régua graduada em 2 cm e a circunferência à altura do peito com uma fita métrica graduada em 0,5 cm..

3.2.2. Estimativa de componentes da variância e parâmetros genéticos

Os caracteres quantitativos foram analisados usando-se o modelo linear misto (modelo aditivo univariado), aplicando o procedimento de melhor preditor linear não viciado REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada) do software genético-estatístico SELEGEN desenvolvido por Resende, 2002b. No modelo adotado considerou os seguintes efeitos: progênes de meios-irmãos, blocos completos ao acaso, uma planta por parcela, um só local e uma única população, sendo $y = Xr + Za + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de blocos (fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios); X e Z são as matrizes de incidência de r e a , respectivamente. Para utilizar o modelo proposto, foi preciso presumir que as progênes de polinização livre de *P. elliotii* var.

elliottii são meios-irmãos. Assim, primeiramente, foi feita uma análise considerando-se todos os tratamentos, inclusive a testemunha. Na segunda etapa, procedeu-se à nova análise, excluindo-se a testemunha para estimar os parâmetros e os valores genéticos.

O teste de significância foi realizado com o cálculo do LTR (teste da razão de verossimilhança), que é obtido pela diferença entre as devianças para modelos sem e com o efeito a ser testado. Para o teste via LTR, deve-se usar o teste de qui-quadrado.

As equações do modelo misto para predição dos valores genéticos aditivos e estimação das médias de blocos são (Resende, 1999):

$$\begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + X^{-1}\lambda_1 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\hat{\sigma}_r^2}{\hat{\sigma}_a^2} = \frac{1 - \hat{h}_a^2}{\hat{h}_a^2},$$

$$\hat{\sigma}_r^2 = \hat{\sigma}_e^{2*} - (1 - \rho_a)\hat{\sigma}_a^2$$

ρ_a = correlação genética entre os indivíduos do tipo de progênie considerada ($\rho_a = 1/4$ para meios-irmãos);

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva.

$\hat{\sigma}_e^2$ = variância entre parcelas estimada a partir do delineamento com uma planta por parcela.

$$h^2 = \frac{S_a^2}{S_a^2 + S_e^2} = \text{herdabilidade individual no sentido restrito.}$$

As demais estimativas de variâncias e parâmetros genéticos processados pelo programa são:

$$r_{\hat{a}\hat{a}} = \left[\frac{n}{n + \left(\frac{4 - h_a^2}{h_a^2} \right)} \right]^{1/2} : \text{acurácia da seleção de progênies;}$$

$$\hat{S}_f^2 = \hat{S}_a^2 + \hat{S}_e^2 = \text{variância fenotípica individual;}$$

$$\hat{h}_{mp}^2 = \frac{[1 + (n-1)\rho_a]h^2}{1 + (n-1)(\rho_a h^2)} = \text{herdabilidade da média de progênies, em que } n = \text{número total de}$$

indivíduos por progênie.

$$CV_{gi} = \frac{100 \cdot \sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}} = \text{coeficiente de variação genético entre indivíduos;}$$

$$CV_{gp} = \frac{100 \cdot \sqrt{1/4 \hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}} = \text{coeficiente de variação genético entre progênies};$$

$$CV_e = \frac{100 \cdot \sqrt{QM_{res}}}{\hat{m}} = \text{coeficiente de variação experimental};$$

3.2.3. Estimativa do tamanho efetivo populacional e o ganho esperado com a seleção.

Com a finalidade de selecionar genótipos e progênies superiores para plantios comerciais e formar pomares de sementes foram simuladas duas estratégias de seleção a partir do ranking com base no valor genético aditivo individual. Para isso, empregaram-se os parâmetros genéticos estimados com *software* SELEGEN para altura, diâmetro a altura do peito e volume, estimando-se o ganho genético mediante a seleção. Desta forma o ganho genético em porcentagem (Gs%) com a seleção correspondem a: $G_s (\%) = (\text{Média dos valores genéticos aditivos dos indivíduos selecionados}/m) \times 100$, em que m corresponde à média geral do experimento para determinado caráter.

Para nortear a estratégia de seleção adotada, visando evitar a perda excessiva de variabilidade genética após a aplicação as estratégias de seleção propostas, foram estimados os tamanhos efetivos populacionais com base em em Resende (2002a):

$$N_e = (4 \cdot N_f \cdot \bar{k}_f) / [\bar{k}_f + 3 + (\sigma_{kf}^2 / \bar{k}_f)]$$

em que:

\bar{k}_f = número médio de indivíduos selecionados por progênies;

σ_{kf}^2 = variância do número de indivíduos selecionados por progênies;

N_f = nº de progênies selecionadas.

3.2.4. Correlações genéticas, repetibilidade e diversidade genética

As correlações fenotípicas e genéticas entre os caracteres foram estimadas para determinar a relação entre eles, assim como para estimar a influência da idade durante na aplicação da seleção precoce.

Para estimar o coeficiente de repetibilidade individual (r), foi utilizado o seguinte modelo estatístico misto: $y = Xm + Za + Ts + e$, onde y é o vetor de dados, m é o efeito das combinações mensuração-repetição (presumido como efeito fixo) acrescido da média geral, a é o vetor de efeitos genéticos aditivos individuais (presumido como aleatório), s é o vetor de

efeitos permanentes (presumido com aleatório) e e é o vetor de erros ou resíduo (aleatório). Letras maiúsculas representam as matrizes de incidência dos referidos efeitos. Nessa análise foram estimados os seguintes parâmetros: \hat{h}_g^2 = herdabilidade individual no sentido amplo (genotípicos totais); C_p^2 = coeficiente de determinação do efeito permanente; C_b^2 = coeficiente de determinação do efeito bloco; e r = coeficiente de repetibilidade individual; R^2 = coeficiente de determinação genotípico.

O número de medições (η) para se predizer o valor real dos indivíduos e o coeficiente de determinação genotípico (R^2); foram calculados utilizando-se as seguintes expressões:

$$\eta = R^2(1-r)/(1-R^2)r$$

$$R^2 = \eta r / (1 + r(\eta - 1))$$

Entre as estatísticas mais utilizadas para estimar a distância genética com base em caracteres morfológicos, é possível destacar a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e a distância Euclidiana (CRUZ & REGAZZI, 2001). A primeira oferece vantagem em relação à segunda por levar em consideração às correlações entre os caracteres analisados. Porém, necessita de ensaios experimentais com repetições (BERTAN, 2006).

Divergências entre genitores são essenciais para se obter populações segregantes em vários caracteres, de modo a ampliar as chances de seleção de genótipos superiores.

A diversidade genética entre as progênies foi estimada usando-se a Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2). Essa metodologia é indicada para análise de dados quantitativos por considerar o desvio padrão e uma escala invariante. Segundo Cruz e Carneiro (2003) D^2 é dada pela expressão:

$$D_{ii'}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta$$

em que:

$$D_{ii'}^2 = \text{distância de Mahalanobis entre os genótipos } i \text{ e } i';$$

$$\delta' = [d_1, d_2, \dots, d_v], \text{ sendo } d_j = Y_{ij} - Y_{i'j};$$

ψ = matriz de variâncias e covariâncias residuais;

Y_{ij} = média do i -ésimo genótipo em relação à i -ésima variável.

Após a obtenção da matriz de distância (D^2), foi aplicado um método de agrupamento como o objetivo de reconhecer grupos de progênies homogêneas. Para tanto, foi utilizado o Método de Otimização de Tocher, descrito por Cruz e Regazzi (2001) em que se adota como critério, que a média dos valores de D^2 (intracluster) deve ser menor que os valores de D^2 (inter-cluster).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise de deviance e Estimativas dos parâmetros genéticos para os caracteres de crescimento e volume

O efeito de progênies na análise de *deviance* foi significativo para todos caracteres, indicando que existe variabilidade significativa a ser explorada no melhoramento da população de *P. elliottii* (Tabela 1). O incremento médio anual em altura nos três primeiros anos após o plantio, bem como a média geral desse caráter e do DAP (Tabela 1) indicou um bom índice de crescimento da espécie se comparado à outras espécies de pinus, principalmente com *P. taeda* (TRIANOSKI, 2012).

O coeficiente de variação genético entre as progênies (CV_{gp}) foi médio para os caracteres avaliados (3,27 % e 9,2 %, para DAP e volume, respectivamente), enquanto que o coeficiente de variação individual (CV_{gi}) foi de 6,55% e 18,4 % em DAP e volume, respectivamente. A variação genética entre indivíduos foi maior que a variação genética entre progênies, para DAP e volume (Tabela 1). Isso é importante pois, quanto maior o coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi}), maior será a facilidade de encontrar indivíduos superiores que irão proporcionar ganhos significativos mediante a seleção. A possibilidade de identificar indivíduos superiores para produção de madeira poderá viabilizar a formação de pomar clonal sem o comprometimento de ganhos futuros.

A acurácia representa a relação entre o valor genético verdadeiro e o estimado. Quanto maior o seu valor, maior a precisão da seleção e do ganho genético obtido. Estimativas desses parâmetros variaram de 0,28 a 0,40 para DAP E IMA em altura, respectivamente (Tabela 1). Segundo Resende et al., (1995) são consideradas baixas as acurácias entre 0,1 e 0,4; medianas de 0,4 a 0,7; e altas as maiores que 0,7. Assim, para altura terceiro ano após o plantio e o IMA em altura as acurácias podem ser consideradas medianas, indicando que a seleção for aplicada nesses caracteres, proporcionará altas probabilidade de se obter indivíduos mais produtivos, devido o aumento da precisão ao método de seleção.

A herdabilidade em nível de média de progênies foi maior que a herdabilidade no sentido restrito em nível de indivíduos (Tabela 1), foram consideradas altas e medianas essas estimativas em nível de média e individual, respectivamente, conforme interpretação proposta por Resende et. al., (1995), que considera herdabilidades de 0,01 a 0,15 como baixas; de 0,15 a 0,50 medianas; e acima de 0,50 altas. Os resultados desse estudo indicam que o controle genético dos caracteres é baixo em nível de médias de progênies e mediano em nível

individual. Portanto isso sugere influência baixa do ambiente na variação fenotípica, uma vez que o coeficiente de herdabilidade expressa a porcentagem de herança genética presente na variação fenotípica total, o que é importante na predição do ganho genético mediante seleção.

Estimativas de herdabilidade são importantes para os melhoristas, pois expressam a proporção da variabilidade genética disponível numa população, relativamente à magnitude das variações devidas aos efeitos genéticos e ambientais (WRIGTH, 1976). Em vários testes de progênies de espécies de pinus, têm sido estimados coeficientes de herdabilidade em nível de média de progênies para os caracteres de crescimento e o volume, como os relatados em *Pinus patula*, aos 8 anos de idade (Leonardecz Neto, 1998), *P. caribaea* var. *bahamensis* aos 25 anos (Sebbenn et al., 2008), *Pinus maximinoi* aos 11 anos (Ettori et al., 2004) e *P. caribaea* var. *bahamensis* aos quatro anos de idade (Romanelli e Sebbenn, 2004). Esses estudos revelaram valores menores ao do presente trabalho em DAP (0,73) e volume (0,78) indicando que maiores ganhos genéticos poderão ser obtidos se no método de seleção aplicado for considerada somente a divergência genética entre progênies. Porém, vale considerar que a magnitude desse parâmetro, assim como os dos coeficientes de variação genética não são atributos somente dos caracteres, pois dependem do grau de segregação na população, das condições do ambiente em que as plantas são avaliadas, do delineamento utilizado e outros fatores (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

A expectativa lógica é de que a seleção baseada em médias de progênies tenha um nível de precisão maior do que em plantas individuais, visto que os parâmetros em nível de progênies (acurácia e herdabilidade em nível de média de progênies) são maiores. Além disso, as análises baseadas em médias, ao invés de indivíduos, a influência dos erros experimentais torna-se menor (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). Porém verifica-se que os parâmetros genéticos individuais apresentam valores medianos e, portanto esse método de seleção também deve ser considerado. A seleção individual indireta em *P. radiata* foi mais eficiente que a seleção inidireta em família em caracteres precoces de crescimento que apresentaram alta herdabilidade (Cotterill e Dean, 1987).

Tabela 1. Estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres silviculturais em um teste de progênies de *Pinus elliottii*, em Ribeirão Branco, SP.

Caracteres	\hat{m}	CV_e (%)	r_{aa}	\hat{h}_a^2	\hat{h}_m^2 dentro	\hat{h}_m^2	CV_{gi} (%)	CV_{gp} (%)	LRT
ALT 1	1,12	14,20	0,89	0,34 ($\mp 0,061$)	0,28	0,79	8,70	4,35	144,97**
ALT 2	2,55	13,50	0,90	0,38 ($\mp 0,064$)	0,31	0,81	8,69	4,34	164,86**
ALT 3	4,24	10,92	0,91	0,42 ($\mp 0,068$)	0,36	0,83	7,52	3,76	194,76**
DAP 3	8,05	12,50	0,86	0,25 ($\mp 0,053$)	0,21	0,73	6,57	3,28	655,62**
VOL 3	0,01	31,09	0,88	0,32 ($\mp 0,059$)	0,26	0,78	18,40	9,20	65,46**
IMA	1,41	10,93	0,91	0,42 ($\mp 0,068$)	0,36	0,83	7,53	3,77	194,93**

ALT1, ALT2 e ALT3= altura de plantas em metros no primeiro, segundo e terceiro anos após o plantio ; DAP3= diâmetro à altura do peito em centímetros no terceiro ano após o plantio; VOL3= volume em m³/ár. no terceiro ano após o plantio; IMA= incremento médio anual em altura; \hat{h}_a^2 = herdabilidade individual dos efeitos aditivos; \hat{h}_m^2 = herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa; CV_{gi} = coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_{gp} = coeficiente de variação genotípica entre progênies; CV_e coeficiente de variação experimental; \hat{m} = média geral; r_{aa} = acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa; Teste LRT (teste da razão de verossimilhança)** significativo a 1% (qui-quadrado, 6,63). Fonte: Do próprio autor

4.2. Estimativas das correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres de crescimento e volume

O coeficiente de correlação genética mede o grau de associação genética entre dois caracteres quantitativos em uma determinada população (WILLIAMS e MATHESON, 1995). As correlações genéticas entre os caracteres neste estudo foram altas, positivas e superiores as fenotípicas (Tabela 2). A existência de correlação genética entre dois caracteres geralmente esta relacionada ao efeito de pleiotropismo, que ocorre quando um gene afeta dois ou mais caracteres (Falconer, 1981). Outra causa de correlação entre os caracteres é o desequilíbrio de ligação gênica, constado mais em populações procedentes de cruzamentos divergentes, podendo ser maior quando mais próximo estiverem os genes no cromossomo, porém é transitória (Falconer, 1981).

Os menores valores de correlação genética e fenotípica foram encontrados entre DAP e altura no primeiro ano após o plantio. Segundo Vencovsky (1978), quando ocorrem correlações genéticas e fenotípicas positivas e de alta magnitude entre dois caracteres, as mesmas podem ser consideradas como uma única na seleção, sem grande prejuízo para

qualquer dos caracteres e a seleção em uma não deve afetar a outra. As correlações negativas entre caracteres podem prejudicar o ganho genético se forem realizadas seleções simultâneas nelas. Altas correlações genéticas entre caracteres de crescimento foram constatadas para várias espécies de pínus (SILVA, 2005; SAMPAIO et al., 2000). As correlações genética e fenotípica mais expressivas foram constatadas entre o caracteres volume e DAP (0,96 e 0,93, respectivamente) (Tabela 2). Resultados semelhantes foram obtido por Silva (2005) em *P. caribaea* var. *hondurensis*, Paludzyszyn Filho et al., (2002) em *Pinus taeda*, Etori et al., (2004) em *Pinus maximinoi* aos 11 anos, Missio (2004) em *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis*, Leonardecz Neto (1998) em *P. patula* aos oito anos e Moraes (2001) em *P. caribaea* var. *hondurensis*. Lambeth et al., 1983 obtiveram correlações genéticas e fenotípicas altas, principalmente as genéticas, entre os caracteres de crescimento em *P. taeda* entre as idades de 5 e 20 anos. Isso indica a possibilidade de aplicação da seleção direta em um caráter sem comprometer, significativamente o ganho em outros. Como o diâmetro é mais fácil de ser medido e gera menos erros de medição do que outros caracteres, sugere-se seu uso como referência nas aplicações dos métodos de seleção e cômputo do ganho genético esperado. Ao aplicar a seleção para maior diâmetro, espera-se uma resposta correlacionada em altura e, conseqüentemente em volume. Isso é vantajoso, uma vez que o sentido da seleção é o mesmo para em todos esses caracteres.

Geralmente, correlações genéticas positivas são esperadas entre os caracteres de crescimento (diâmetro e altura) em espécies de pínus, mas estes devem ser mensurados em cada população para certificação da eficiência da seleção (ROSSMANN, 2001). Correlações lineares significativas para caracteres de crescimento em diferentes idades (juvenil e adulta) para *P. contorta* foram relatadas por HIE E YANG (1995). Segundo os autores, quando a população a ser melhorada apresentar herdabilidades altas e correlações genéticas positivas entre caracteres em diferentes idades, e maturidade sexual precoce apresenta potencial para seleção em idades precoces.

Tabela 2. Estimativas das correlações genéticas (r_g = acima da diagonal) e fenotípicas (r_f = abaixo da diagonal) entre os caracteres silviculturais em progênies de *Pinus elliottii* em Ribeirão Branco, SP.

Caracteres	Caracteres					
	Altura 1 (m)	Altura 2 (m)	Altura 3 (m)	DAP 3 (cm)	Volume 3 (m ³ /árv.)	
Altura 1 (m)	-	0,84 (0,0001) ¹	0,74 (0,0001)	0,67 (0,0001)	0,71 (0,0001)	
Altura 2 (m)	0,68 (0,0001)	-	0,94 (0,0001)	0,73 (0,0001)	0,83 (0,0001)	
Altura 3 (m)	0,60 (0,0001)	0,85 (0,0001)	-	0,78 (0,0001)	0,89 (0,0001)	
DAP 3 (cm)	0,58 (0,0001)	0,73 (0,0001)	0,78 (0,0001)	-	0,96 (0,0001)	
Volume 3 (m ³ /árv.)	0,65 (0,0001)	0,78 (0,0001)	0,81 (0,0001)	0,93 (0,0001)	-	

Altura 1, Altura 2 e Altura 3= altura de plantas no primeiro, segundo e terceiro ano após o plantio, respectivamente; DAP 3= diâmetro à altura do peito no terceiro ano após o plantio; Volume 3= volume no terceiro ano após o plantio; ¹= p-valor. Fonte: Do próprio autor

4.3 Estimativa de ganhos genéticos e repetibilidade

Com a mesma intensidade de seleção individual adotada para os diferentes caracteres verificou-se que o progresso esperado na seleção em caráter altura foi superior no primeiro ano do que no terceiro ano após o plantio. Os valores de G_s % variaram de 8,72 % a 29,68 % em DAP e volume, respectivamente (Tabela 3) com a aplicação da seleção individual mais intensa (3,33 %), visando à formação de um pomar clonal e produção de híbridos, enquanto que, para a formação de um pomar de sementes por mudas variou de 2,89 e 8,89 % nesses caracteres (Tabela 3).

As estimativas de ganhos genéticos foram expressivas, confirmando os altos coeficientes de herdabilidade (Tabela 3). Considerando que na seleção recorrente intrapopulacional, a proposta é de aumentar, gradativamente, a frequência dos alelos desejáveis, por meio de repetidos ciclos de seleção e recombinação (HALLAUER, 1992), recomenda-se uma seleção branda como estratégia inicial de seleção para formação de pomares de sementes por mudas, principalmente se a seleção for aplicada precocemente.

A eficiência da seleção em idade precoces em pínus também já foi confirmada em outras espécies. Lambeth et al. (1983) verificaram que a seleção aos cinco anos foi tão eficiente quanto aos 20 anos para os caracteres de crescimento em *P. taeda*, principalmente para altura, que foi usada para prever o volume final.

Para se obter os progressos esperados mediante seleção na população de *P. elliottii* em estudo, árvores matrizes superiores podem ser selecionadas para formarem como genitoras um pomar de sementes por mudas. Com base nas estimativas de ganhos genéticos considerando os valores genéticos e a seleção de um só parental, há grande probabilidade de êxito no melhoramento genético com a implantação de um pomar de sementes clonal.

Para a maioria dos caracteres avaliados, a testemunha comercial (*P. elliottii*) apresentou média e ganho genético superior à maioria dos indivíduos e progênes, indicando que esse material pode ser usado em plantios comerciais e formação de novos pomares de semente.

A manutenção da variabilidade genética em cada ciclo de seleção é importante para que progressos genéticos em ciclos subsequentes não fiquem comprometidas. Sugere-se manter um tamanho efetivo (N_e) em torno de 50 para minimizar, assim, a probabilidade de alelos favoráveis ao longo dos ciclos de seleção (RESENDE e BERTOLUCCI,1995, RESENDE,1999). Com base nas estimativas do tamanho efetivo populacional para duas intensidades de seleção, verifica-se a possibilidade de se aplicar intensidades de seleção expressivas, sem comprometer o potencial de ganhos genéticos futuros com a formação de um pomar de sementes por mudas (Tabela 3).

Tabela 3. Progresso esperado mediante (G_s) a seleção individual de 100⁽¹⁾ e 1500⁽²⁾ indivíduos e tamanho efetivo populacional (N_e) para a altura, DAP e volume em progênes de *P. elliottii* em Ribeirão Branco, SP.

Parâmetros	ALT 1	ALT 2	ALT 3	DAP 3	VOLUME 3
G_s (%) ¹	11,96	11,80	10,51	8,72	29,64
N_e ¹	40,01	38,48	34,18	21,97	28,69
G_s (%) ²	4,43	4,58	3,98	2,90	8,89
N_e ²	199,74	200,13	204,49	193,56	200,71

ALT1, ALT2 e ALT3= altura de plantas no primeiro, segundo e terceiro ano após o plantio, respectivamente; DAP3= diâmetro à altura do peito no terceiro ano após o plantio; VOL3: volume no terceiro ano após o plantio.

Fonte: Do próprio autor

Em espécies perenes, espera-se que a superioridade genética de um determinado genótipo referente a um determinado caráter de produção persista por todo o ciclo produtivo. A consistência dos valores em sucessivas medições para um determinado caráter é medida pela estimativa de repetibilidade. No presente trabalho, a repetibilidade da medição em altura foi média. Isto indica que é possível obter o fenótipo (altura) preciso de um indivíduo com um número mínimo de avaliações para inferir valores genéticos e propor estratégias de seleções. Portanto, com três medições de altura é possível selecionar indivíduos com 82 % de certeza de predição do seu valor real (Tabela 4). Considerando que o coeficiente de determinação genotípico (R^2) foi igual ou maior que 95 %, serão necessárias em torno de 12 medidas para se estimar o real valor genético e/ou o ganho genético de todos os indivíduos. Porém, considerando o alto valor do coeficiente de determinação (acima de 82 %) obtido com três medições para estratégias de seleção a curto prazo, o número de medições da altura pode ser reduzido visando à economia de mão-de-obra.

Segundo Resende (1995) a eficiência dos programas de melhoramento genético deve ser medida pelo ganho genético por unidade de tempo e a acurácia seletiva. Nesse mesmo sentido. Raymond (1997), por sua vez, enfatizou a necessidade de se conhecer a idade mínima que os caracteres de importância econômica podem ser avaliados com precisão. Portanto, para estratégias a longo prazo, sugere-se continuar as avaliações em diferentes idades até a idade de corte para definir, com maior precisão a idade mínima para a seleção.

Tabela 4. Análise de repetibilidade em altura em progênies de *P. elliottii* em Ribeirão Branco, SP.

Variável	\hat{h}_g^2	r	C_b^2	C_p^2	R^2
Altura	0,08 ($\pm 0,0085$)	0,61 ($\pm 0,0234$)	0,02	0,51	0,82

\hat{h}_g^2 = herdabilidade individual no sentido amplo (genotípicos totais); C_p^2 = coeficiente de determinação do efeito permanente; C_b^2 = coeficiente de determinação do efeito bloco; r = coeficiente de repetibilidade individual; coeficiente de determinação genotípico (R^2). Fonte: Do próprio autor

4.4. Medidas de dissimilaridade pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e pelo método de otimização de Tocher.

As medidas de dissimilaridade entre os pares de progênies de *P. elliottii*, estimadas pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2), gera a maior e a menor distância de uma progênie em relação as demais (Tabela 5). Nesse estudo a progênie I48 apresenta a maior

distância em relação à progênie IR31 ($D^2 = 54,40$) e a menor em relação à progênie C266 ($D^2 = 0,66$), e assim por diante (Tabela 5). A distância máxima ($D^2 = 114,40$) foi observada entre as progênies TEST e IR31, e a mínima ($D^2 = 0,03$) entre as progênies I07 e I18.

O método de otimização de Tocher aplicado a neste teste, possibilitou a separação das progênies em nove grupos (Tabela 6). Aproximadamente 82 % das progênies formaram o grupo I. Por serem mutuamente excludentes, recomenda-se que seja feito o cruzamento entre progênies de grupos distintos para gerar híbridos mais heteróticos. Isso pode ser observado entre as progênies que apresentaram a maior distância (TEST do grupo IV) e IR31 do grupo III), ao contrario das progênies I07 e I18 que se encontram no mesmo grupo (grupo 1). Segundo Dias (1994), a identificação de pares de progênies com as maiores diversidades facilita o processo de hibridação. Assim, os pares mais divergentes devem ser utilizados para gerar de híbridos mais heteróticos e superiores inclusive aos genitores.

Para programas de hibridação, recomenda-se o cruzamento entre progênies de grupos mais divergentes possíveis como as C53, C109, C54, I85 e I144 devido à expressão diferenciada e por formarem grupo isolados das demais progênies nos caracteres silviculturais. Contudo, para utilização no processo de hibridação, é necessário, além da divergência genética, que as progênies apresentem um alto potencial produtivo. Se os indivíduos apresentarem esses requisitos, espera-se obter genótipos superiores com capacidade específica de combinação devido à ocorrência de heterose e a ação de genes complementares (FALCONER e MACKAY, 1996; CARVALHO et al., 2001). Isso caracteriza a segregação transgressiva, que indica a possibilidade de se obter novos genótipos com elevada produtividade.

Tabela 5. Medidas de dissimilaridade (distâncias generalizadas de Mahalanobis $=D^2$) entre as progênies de *P.elliottii*, em Ribeirão Branco, SP.

D² de Mahalanobis									
Distâncias					Distâncias				
Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.	Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.
I148	54,04	IR31	0,66	C266	I123	29,40	I57	0,42	B18
C101	36,10	C109	0,37	I123	IR09	21,96	C281	0,33	C59
C289	49,98	TEST	0,35	I78	I57	49,37	C281	3,06	B9

C127	34,91	IR31	0,05	I42	C283	20,76	C281	0,21	C59
C274	48,02	C109	1,29	C275	I62	14,71	C281	0,42	I40
B4	80,75	IR31	0,29	C120	B18	11,31	C54	0,39	I42
B19	65,19	IR31	0,84	C53	B9	30,92	C281	0,20	C120
I63	64,10	IR31	0,12	IR09	I40	15,98	C281	0,33	I74
C59	32,76	IR31	0,21	I117	C266	17,30	C281	0,62	C59
C287	50,04	IR31	0,27	IR12	C112	12,17	C54	0,20	C133
I127	50,43	C109	1,31	I73	I73	17,57	C120	0,40	C49
I125	39,66	IR31	0,133	I96	C276	16,06	I07	0,50	I158
IR05	29,89	TEST	0,19	C60	C133	12,25	C54	0,37	I100
TEST	114,43	IR31	0,56	I57	C54	31,30	C281	1,42	I83
IR12	46,09	IR31	0,31	C267	I78	27,46	I07	0,42	275
I86	111,65	IR31	1,84	I57	C123	28,31	C281	0,06	C120
I144	81,25	C109	1,13	C282	C120	29,46	C281	0,63	I84
B11	42,95	IR31	0,47	I96	C53	20,52	C281	0,68	C135
I41	32,15	C109	0,36	C276	I83	22,77	C281	0,32	I74
C114	33,87	IR31	0,05	C112	C265	8,88	C281	0,36	C149
B2	56,94	IR31	0,29	C283	C267	12,28	C281	0,43	I45
I133	37,69	IR31	0,22	I45	C149	10,17	I07	0,47	I42
I108	39,78	C109	0,33	I123	C59	21,40	C281	0,60	I74
I96	42,36	IR31	0,26	145	IR07	27,97	C275	0,94	I84
IR02	39,63	IR31	0,38	145	I158	21,21	I07	0,32	C49
I56	36,73	IR31	0,24	C275	I45	9,18	C281	0,50	I42
C125	54,06	IR31	0,26	I40	C135	18,26	C281	0,92	I74
C151	30,73	C109	0,21	I100	I84	27,28	C281	0,12	I07
I117	33,66	IR31	0,11	I42	I30	17,00	C281	0,86	I74
IR31	112,18	C109	2,96	C282	I07	29,31	C281	0,03	I18
B5	29,71	C109	1,07	C265	C281	28,80	I18	2,48	C49
I85	72,72	C109	3,22	I78	I18	23,67	C275	1,33	I74
I119	26,61	C282	0,26	I62	I74	14,76	C275	3,81	I42
I91	22,84	C282	0,66	C112	I42	4,88	C275	1,50	I100
C60	25,24	C109	0,73	C133	C275	3,24	I100	1,68	C49
C109	81,40	C282	2,29	I57	I100	0,47	C49		
I134	23,84	I57	0,37	B18					
C282	76,25	I57	3,67	C281					
I16	33,86	C281	0,46	B9					

Maxímo:114,34

Mínimo: 0,03

Progênie: TEST e IR31

Progênie:I07 e I18

Tabela 6. Formação de grupos com base no método de aglomeração (Otimização de Tocher) em DAP, altura e volume de progênies de *P. elliotti* Ribeirão Branco, SP.

GRUPO	PROGÊNIES	TOTAL
I	I148 C101 C289 C127 B4 B19 I63 C290 C287 I125 IR05 IR12 I86 B11 I41 C114 B2 I133 I108 I96 I56 C125 C151 I117 B5 I119 I91 C60 I134 I123 IR09 I57 C283 I62 B18 B9 I40 C266 C112 I73 C276 C133 I78 C123 C120 I83 C265 C267 C59 I158 I45 C135 I84 I30 I07 C281 I18 I74 I42 C275 I100 C49	62
II	C274 IR02 C149 IR07	4
III	I127 IR31 C282	3
IV	TEST I16	2
V	C53	1
VI	C109	1
VII	C54	1
VIII	I85	1
IX	I144	1
TOTAL		76

Fonte: Do próprio autor

4. CONCLUSÕES

O teste de progênies de *P. elliotii* apresentou níveis de variação genética significativos entre progênies para os caracteres de crescimento e volume. A maior parte da variação encontra-se em nível de progênies, indicando que a seleção entre progênies deve ser considerada;

A seleção individual em intensidade moderada pode gerar ganhos, além de garantir a retenção de uma ampla variação genética em ciclos subsequentes de melhoramento para a formação de pomar de sementes por mudas;

A correlação alta e positiva entre os caracteres de crescimento e a repetibilidade, em várias idades, indicam a possibilidade de se selecionar indivíduos com 82 % de certeza de predição do seu valor real e confirmaram a eficiência da aplicação da seleção precoce aos três anos de idade.

Em vista dos progressos esperados, o teste de progênies pode ser convertido em um pomar de sementes por mudas, mediante desbaste seletivo para manter somente as árvores mais produtivas para se cruzarem entre si. Ganhos mais promissores poderão ser obtidos com a aplicação da seleção visando à formação de um pomar clonal, principalmente se essa for aplicada em idades precoces.

5. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASSIS, T. F. Melhoramento genético do eucalipto. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 189, p. 32-51, 1996.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES DE FLORESTAS PLANTADAS (Brasil). **Anuário estatístico da ABRAF 2012 ano base 2011**. Brasília, 2012. 150 p. Disponível em: <www.abraflor.org.br/estatisticas.asp>. Acesso em: 17 out. 2012.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES DE FLORESTAS PLANTADAS (Brasil). **Anuário estatístico da ABRAF 2006 ano base 2005**. Brasília, 2006. 80 p. Disponível em: <<http://www.ipef.br/estatisticas/relatorios/anuario-ABRAF-2006>>. Acesso em: 11 out. 2012.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DA INDÚSTRIA DE MADEIRA PROCESSADA (Brasil). **Estudo Setorial 2007 ano base 2006**. Curitiba, 2007. 40 p. Disponível em: <<http://www.abimci.com.br/dmdocuments>>. Acesso em: 15 jan. 2013.

BARLLARIN, A.W.; PALMA, H.A.L. Propriedades de resistência e rigidez da madeira juvenil e adulta de *Pinus taeda* L. **Revista Arvore**, Viçosa, v. 27, n. 03, p. 371-380, 2003.

BARRICHELO, L. E. G. **Estudos das características físicas, anatômicas e químicas da madeira de *Pinus caribaea* Mor. var. *bahamensis* Barr. e Golf. para produção de celulose Kraft**. 1979. 167 f. (Livre-Docência) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1979.

BELTRAME, R.; BISOGNIN, A. D.; MATTOS, B. D.; CARGNELUTTI FILHO, A.; HASELEIN, C. R.; GATTO, D. A.; SANTOS, G. A. Desempenho silvicultural e seleção precoce de clones de híbridos de eucalipto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 47, n. 6, p. 791-796, 2012.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C., SILVA, J. A. G.; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; SILVA, G. O.; HARTWIG, I.; VALÉRIO, I. P.; FINATTO, T. Dissimilaridade genética entre genótipos de trigo avaliados em cultivo hidropônico sob estresse por alumínio. **Bragantia**, Campinas, v. 65, n. 01, p. 55-63, 2006.

BORÉM, A. ; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV, 2009.

CARGNIN, O. **Alternativas das florestas de *pinus*: ambiente Brasil**, set. 2005. Disponível em: <<http://noticias.ambientebrasil.com.br/artigos/2005/09/27/-alternativas-das-florestas-de-pinus.html>>. Acesso em: 02 nov. 2012.

CARVALHO, F. I. F.; SILVA, S. A.; KUREK, A. J. et al. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: Ed. da UFPel, 2001. 99 p.

COTTERILL, P.P.; DEAN, C. A. Changes in the Genetic Control of Growth of radiate pine to 16 years and Efficiencies of early Selection. **Silvae Genetica**, v. 37, p.138-146, 1988.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Ed. UFV, 2003. v. 2, 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.

COSTA, R. B. Variabilidade genética e seleção para caracteres de crescimento da seringueira. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 02, p. 299-305, 2008a.

COSTA, R. B. **Métodos de seleção, interação genótipo x ambiente e ganho genético para o melhoramento de seringueira no Estado de São Paulo**. 1999. 1445 f. (Doutorado) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 1999b.

DIAS, L. A. **Divergência genética e fenética multivariada na predição de híbridos e preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.)**. 1994. 94 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luis de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1994.

DORMAN, K. W.; SQUILLACE, A. E. **Genetic of slash pine**. Washington, D.C.: United States Department of Agriculture, Forest Service, 1974. 20 p. (Research Paper WO, 20).

ETTORI, L. C.; SATO, A. S.; SHIMIZU, J. Y. Variação genética em procedências e progênies mexicanas de *Pinus maximinoi*. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 16, n. 1, p.1-9, 2004.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Ed. da Universidade Federal de Viçosa, 1981. 279 p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Londres: Longman Group, 1996. 464 p.

FERREIRA, M.; SANTOS, P. E. T. Melhoramento genético florestal dos *Eucalyptus* no Brasil – Breve histórico e perspectivas. IUFRO CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPTUS, 24/29, 1997, Salvador. **Conference of the...** Salvador: UFP, 1997. p.14-35, 1997.

FONSECA, S. M.; KAGEYAMA, P. Y.; FERREIRA, M.; JACOB, W. S. Síntese do programa de melhoramento genético de *Pinus* spp. que vem sendo conduzido sob a coordenação do IPEF, na região sul do Brasil. **Boletim Informativo do IPEF**, Piracicaba, v. 6, n. 18, p. 45-60, 1978.

FURLAN, R. A. et al. Estrutura genética de populações de melhoramento de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* por meio de marcadores microssatélites. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p.553-563, 2007.

GONÇALVES, P. de S.; BORTOLETTO, N.; FONSECA, F. da.; BATAGLIA, O.C.; ORTOLANI, A.A. Early selection for growth vigor in rubber tree genotypes in northwestern São Paulo state (Brazil). **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 21, p.620-630, 1998.

GURGEL, G. L. M. do A.; GARRIDO, M. A. de O.; KAGEYAMA, P. Y. Teste de progênies precoce de meios-irmãos de *Pinus elliottii* var. *elliottii* Engelm. de árvores superiores para a produção de resina. **Silvicultura S. Paulo**, São Paulo, v. 20, p. 31-39, 1986/1988.

HALLAUER, A. R. Recurrence selection in maize. **Plant Breeding Reviews**, Westport, v. 9, p. 79 -115, 1992.

LAMBETH, C.C.; VAN BUIJTENEN, J.P.; DUKE, S.D.; MCCULLOUGH, R.B. Early Selection is effective in 20-year-old Genetic Tests of Loblolly pine. **Silvae Genetica**. 32, n. , p.210-215, 1983.

LEONARDECZ-NETO, E. **Variação genética e métodos de seleção em progênies sul-africanas de *Pinus patula* (Shiede & Deppe)**. Curitiba, 1998. 71 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 1998.

HIGA, R. C. V.; WREGGE, M. S. **Sistema de produção**. Colombo: Embrapa Floresta. 2005. Disponível em: <<http://www.cnpf.embrapa.br/>>. Acesso em: 20 dez. 2012.

KAGEYAMA, P.Y. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. Piracicaba, 1980. 125p. (Tese-Doutoramento-ESALQ).

KAGEYAMA, P.Y., VENCOVSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. **Boletim do IPEF**, Piracicaba, v. 24, p. 9-26, 1983.

KAGEYAMA, P. Y. Seleção precoce a diferentes idades em progênies de *Eucalyptus grandis* (Hill). Ex Maiden. Piracicaba, (Tese-Livre-Docência-ESALQ) 1983. 151p.

KAGEYAMA, P. Y. **Melhoramento genético de pinheiros tropicais no Brasil**. Disponível em: <<http://www.ipef.br/publicacoes/ctecnica/nr111.pdf>>. Acesso em: 20 dez. 2011.

KRONKA, F. J. N.; BERTOLANI, F.; PONCE, R. H. **A cultura do *Pinus* no Brasil**.2005. Disponível em: <http://www.sbs.org.br/atualidades_single.php?id=4467>. Acesso em: 18 out. 2012.

KUNG, F. H. Adjustment and interpretation of progeny tests when only the best tree in each plot is measured. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 26, n. 2/3, p.117-119, 1977.

LEONARDECZ-NETO, E. **Variação genética e métodos de seleção em progênies sul-africanas de *Pinus patula* (Shiede & Deppe)**. Curitiba, 1998. 71 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 1998.

LIMA, A.F.; JARÁ, E. R. P.; ALFONSO, V. A. Madeira como matéria-prima para fabricação de pasta celulósica. In: PHILIPP, P.; D'ALMEIDA, M. L.O. **Celulose e papel: tecnologia de fabricação da pasta celulósica**. 2. ed. São Paulo: IPT, 1988. p.129-167.

LORENZI, H. et al. **Árvores exóticas no Brasil: madeiras ornamentais e aromáticas**. São Paulo: Nova Odessa/Instituto Plantarum, 2003. 368 p.

MASSARO, R. A. M.; BONINE, C. A. V.; SCARPITANI, E. A.; DE PAULA, R. C. Viabilidade de aplicação da seleção precoce em testes clonais de *Eucalyptus* spp. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 20, p. 597-609, 2010.

MATHESON, A. C.; RAYMOND, C. A. The impact of genotype x environment interactions on Australian *Pinus radiata* breeding programs. **Australian Forest Research**, Melbourne, v. 14, p.11-25, 1984.

MARCHIORI, J. N. D. Dendrologia das gimnospermas. Santa Maria: Ed. da UFSM, 1996. 158 p

MENDES A. C. A.; COUTO, G. H. A. Análise estrutural da cadeia produtiva do setor florestal brasileiro. In: CONGRESSO UFV DE ADMINISTRAÇÃO E CONTABILIDADE, 5, MOSTRA CIENTÍFICA: OS DESAFIOS DO CENÁRIO ECONÔMICO E INTERNACIONAL PARA A CONTABILIDADE, A GESTÃO PÚBLICA E AS ORGANIZAÇÕES, 2, 2012, Viçosa. **Anais...** – Viçosa: Ed. UFV, 2012. Disponível em: <<http://www.dad.ufv.br/congressodad/anais/201266.pdf>. Acesso em: 11 jan. 2012.

MIRANDA, A. C. **Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênies de Eucalyptus grandis**. 2012. 64 f. Dissertação (Mestrado) - Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2012.

MISSIO, R. F. et al. Seleção simultânea de caracteres em progênies de *Pinus caribea* Morelet var. *bahamensis*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 66, p. 161-168, 2004.

MORAES, M. L. T. **Variação genética e aplicação da análise multivariada em progênies de Pinus caribaea var. hondurensis Barret e Golfari**. 2001. 124 f. Tese (Livre Docência) – Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2001.

MORI, E. S. **Variabilidade genética isoenzimática em uma população de Eucalyptus grandis Hill ex Maiden submetida a diferentes intensidades de seleção**. 1993. 119 f. Tese (Doutorado em Genética) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1993.

PAIT, J. A, FLINCHUM, D. M, LANTZ, C. W. Species variation, allocation, and tree improvement. In: DURYEA, M. L.; DOUGHERTY, P. M. (Ed.). **Forest regeneration manual**. Dordrecht: Kluwer Academic, 1991. p. 207-231.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; FERNANDES, J. S. C.; RESENDE, M. D. V. Avaliação e seleção precoce para crescimento de *Pinus taeda*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 37, n. 12, p.1719-1726, 2002.

PEREIRA, A. B. et al. Eficiência da seleção precoce em famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh., avaliadas na região noroeste do estado de Minas Gerais. **Cerne**, Lavras, v. 3, n. 1, p. 67-81, 1997.

RESENDE, M. D. V., HIGA, A. R. Estimativa de valores genéticos no melhoramento de *Eucaliptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n.28/29, p.11-36, 1994.

RESENDE, M. D. V.; BERTOLUCCI, F. L. G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE. Eucalyptus plantations: improving fibre yield and quality. Hobart- 1995, Austrália. **Proceedings...** Austrália: [S.n.], 1995. p.167-170.

RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J.; SAMPAIO, P. T. B.; WIECHETECK, M. S. S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Floresta**, Curitiba, v. 25, n.1/2, p. 3-16, 1995

RESENDE, M. D. V. Melhoramento de essências florestais. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. p. 589 – 648, 1999.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada. Embrapa Informação Tecnológica : Colombo, 2005. 130p.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA, Informação Tecnológica, 2002a. 975 p.

RESENDE, M. D. V. *Software SELEGEN-REML/BLUP*. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2002b. 65 p. (Embrapa Florestas. Documentos).

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiania, v. 37, n. 3, p.182-194, 2007.

ROMANELLI, R. C. **Variabilidade genética para produção de resina associada às características de crescimento em uma população de *Pinus elliottii* var. *elliottii* Engelm. na região de Itapetinga – SP**. 1988. 101 f. (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1988.

ROMANELLI, R. C.; SEBBENN, A. M. Parâmetros genéticos e ganhos na seleção para produção de resina em *Pinus elliottii* var. *elliottii*, no Sul do Estado de São Paulo. **Instituto Florestal**, São Paulo, v. 16, n. 1, p.12-23, 2004.

ROSSMANN, H. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos. Dissertação de mestrado, Piracicaba. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. 2001, 91p.

SAMPAIO, P. T. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 35, n. 11, p. 2243-2253, 2000.

SEBBENN, A.M.; PIRES, C.L.S.; STORCK, L.; CUSTÓDIO FILHO, A.; ROSA, P.R.F. Variação genética em progênies de meios-irmãos de *Pinus caribaea* Mor. var. *bahamensis* Bar.et Gol. na região de Bebedouro, SP. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 6, p. 63-73, 1994.

SEBBENN, A. M. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva: *Myroxylon peruiferum* L. F. Allemão. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 53, p. 31-38, 1998.

SEBBENN, A. M.; BÔAS, O. V.; MAX, J. C. M. Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento em teste de progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis* aos 20 anos de idade em Assis/SP. **Instituto Florestal**, São Paulo, v. 20, n. 02, p.103-115, 2008.

SILVA, J. M. **Análises genéticas em progênies de *Pinus caribaea* morelet var. *Caribaea* por caracteres quantitativos e marcadores moleculares.** 2005. 129 f. Dissertação (Mestrado em Sistema de Produção) -. Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2005.

SHIMIZU, J. Y.; KAGEYAMA, P. Y.; HIGA, A. R. **Procedimentos e recomendações para estudos de progênies de essências florestais.** Curitiba: EMBRAPA-URPFCS, 1982. 33 p. (EMBRAPA-URPFCS. Documento, 11).

SHIMIZU J. Y.; MEDRADO M. J. S. **Sistema de produção.** Colombo: Embrapa Floresta. 2005. Disponível em: <<http://www.cnpf.embrapa.br/>>. Acesso em: 15 nov. 2012.

SHIMIZU, J. Y.; SPIR, I. H. Z. Seleção de *Pinus elliottii* pelo valor genético para alta produção de resina. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 38, p.103-117, 1999.

SHIMIZU, J. H. Pinus na silvicultura brasileira. **Revista Madeira**, Curitiba, v. 16, n. 99, p. 4-14, 2006.

SHIMIZU, J. Y.; SEBBENN, A. M. Espécies de pínus na silvicultura brasileira. In: SHIMIZU, J. Y. (Ed.). **Pinus na silvicultura brasileira.** Colombo: Embrapa Florestas, 2008. p. 49-74

SHIMIZU, J. Y. **Pínus na silvicultura brasileira.** Colombo: Embrapa Florestas, 2008. 223 p.

SQUILLACE, A. E. Finer pines aid turpentines. **Southern lumberman**, Nashville, [s.n.t.] dez.1964.

TRIANOSKI, R. **Avaliação da qualidade da madeira de espécies de pinus tropicais por meio de métodos convencionais e não destrutivos.** 2012. 553 f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2012.

VASQUES A. G.; NOGUEIRA A. S.; KIRCHNER F.F.; BERGER R. **Uma síntese da contribuição do gênero *Pinus* para o desenvolvimento sustentável no sul do Brasil.** **Revista Floresta**, Curitiba, v. 37, n. 3, p. 445-450 (2007).

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W.E. Melhoramento e genética. São Paulo, Melhoramentos, 1969, p. 17-37

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Coord.). Melhoramento do milho no Brasil. Campinas: Fundação Cargill, 1978. p.122-201.

VENCOSVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

WILLIAMS, E. R.; MATHESON, A. C. **Experimental design and analysis for use in tree improvement**. Melbourne: CSIRO, 1995. 174 p.

WRIGHT, J. W. **Introduction to forest genetics**. Michigan: Academic Presss, 1976. 464 p.

XIE, C. Y. and YING C. C. **Heritabilities, Age-Age Correlations, and Early Selection in Lodgepole Pine (*Pinus contorta* ssp. *Latifolia*)**. *Silvae Genetica* 45, p. 2–3 (1996).

ANEXOS

ANEXO B. Resultados da análise da *deviance* para altura no primeiro, segundo e terceiro ano após o plantio, diâmetro a altura do peito (DAP), volume (VOL) e incremento médio anual (IMA).

Caracteres	Efeitos	Deviance	LTR	Caracteres	Efeitos	Deviance	LTR
ALT 1	Progênes	-7346,36	144,97	DAP	Progênes	3293,65	95,67
	Modelo	-7491,33			Modelo	3197,98	
	Blocos	0,09 ⁽¹⁾	3,65 ⁽²⁾		Blocos	3,96 ⁽¹⁾	3,91 ⁽²⁾
ALT 2	Progênes	-2825,44	164,86	VOL	Progênes	-29462,45	655,62
	Modelo	-2990,29			Modelo	-30118,07	
	Blocos	0,37 ⁽¹⁾	3,17 ⁽²⁾		Blocos	0,00 ⁽¹⁾	4,28 ⁽²⁾
ALT 3	Progênes	-1058,62	194,76	IMA	Progênes	-7408,38	194,93
	Modelo	-1253,38			Modelo	-7603,31	
	Blocos	0,94 ⁽¹⁾	4,35 ⁽²⁾		Blocos	0,10 ⁽¹⁾	4,34 ⁽²⁾

(1) Quadrado médio e ⁽²⁾F-calculado. Fonte: Do próprio autor.

ANEXO C. Valores genéticos aditivos e ganhos genéticos da testemunha comercial de *P. elliottii* (progênie), para os caracteres de crescimento nos três primeiros anos após o plantio em Ribeirão Branco, SP.

Carateres	rank	a	Ganho
Altura 1	4°	0,1317	0,1570
Altura2	2°	0,3680	0,4077
Altura 3	2°	0,6752	0,6821
DAP 3	3°	0,8991	1,072
VOL 3	2°	0,0043	0,0046

Fonte: Do próprio autor

ANEXO D. Valores genéticos aditivos e ganhos genéticos para DAP e volume no terceiro ano após o plantio dos 100 melhores indivíduos de *P. elliottii*, Ribeirão Branco, SP.

	DAP	Volume
--	------------	---------------

Rank	Progênie	Bloco	a	u+a	Ganho	Progênie	Bloco	a	u+a	Ganho
1	B4	32	0,749	4,993	0,749	B4	32	0,749	4,993	0,749
2	I86	40	0,701	4,945	0,725	I86	40	0,701	4,945	0,725
3	I57	27	0,685	4,929	0,712	I57	27	0,685	4,929	0,712
4	C120	27	0,620	4,864	0,689	C120	27	0,620	4,864	0,689
5	I18	11	0,617	4,860	0,675	I18	11	0,617	4,860	0,675
6	I86	26	0,584	4,827	0,659	I86	26	0,584	4,827	0,659
7	C109	12	0,564	4,807	0,646	C109	12	0,564	4,807	0,646
8	I84	4	0,560	4,804	0,635	I84	4	0,560	4,804	0,635
9	I86	8	0,549	4,792	0,625	I86	8	0,549	4,792	0,625
10	I86	1	0,548	4,792	0,618	I86	1	0,548	4,792	0,618
11	I30	23	0,546	4,790	0,611	I30	23	0,546	4,790	0,611
12	I148	6	0,543	4,786	0,606	I148	6	0,543	4,786	0,606
13	C125	40	0,542	4,785	0,601	C125	40	0,542	4,785	0,601
14	C109	32	0,533	4,776	0,596	C109	32	0,533	4,776	0,596
15	I57	12	0,528	4,771	0,591	I57	12	0,528	4,771	0,591
16	I86	16	0,517	4,761	0,587	I86	16	0,517	4,761	0,587
17	C109	37	0,493	4,736	0,581	C109	37	0,493	4,736	0,581
18	IR09	19	0,485	4,729	0,576	IR09	19	0,485	4,729	0,576
19	I86	30	0,484	4,728	0,571	I86	30	0,484	4,728	0,571
20	I86	17	0,482	4,725	0,567	I86	17	0,482	4,725	0,567
21	I07	5	0,476	4,720	0,562	I07	5	0,476	4,720	0,562
22	IR09	8	0,476	4,720	0,558	IR09	8	0,476	4,720	0,558
23	C109	36	0,475	4,718	0,555	C109	36	0,475	4,718	0,555
24	I86	33	0,474	4,717	0,551	I86	33	0,474	4,717	0,551
25	I86	7	0,473	4,717	0,548	I86	7	0,473	4,717	0,548
26	I57	31	0,472	4,716	0,545	I57	31	0,472	4,716	0,545
27	C120	13	0,472	4,716	0,543	C120	13	0,472	4,716	0,543
28	I148	14	0,467	4,710	0,540	I148	14	0,467	4,710	0,540
29	I30	34	0,464	4,708	0,537	I30	34	0,464	4,708	0,537
30	I18	5	0,460	4,704	0,535	I18	5	0,460	4,704	0,535
31	B9	14	0,460	4,703	0,532	B9	14	0,460	4,703	0,532
32	I16	34	0,457	4,701	0,530	I16	34	0,457	4,701	0,530
33	IR07	23	0,457	4,700	0,528	IR07	23	0,457	4,700	0,528
34	I57	7	0,456	4,700	0,526	I57	7	0,456	4,700	0,526
35	B9	22	0,453	4,696	0,523	B9	22	0,453	4,696	0,523
36	C267	29	0,452	4,696	0,522	C267	29	0,452	4,696	0,522
37	C283	23	0,452	4,696	0,520	C283	23	0,452	4,696	0,520
38	I07	13	0,451	4,694	0,518	I07	13	0,451	4,694	0,518
39	I45	6	0,444	4,688	0,516	I45	6	0,444	4,688	0,516
40	C53	10	0,443	4,687	0,514	C53	10	0,443	4,687	0,514
41	I57	33	0,443	4,686	0,512	I57	33	0,443	4,686	0,512
42	I16	20	0,441	4,685	0,511	I16	20	0,441	4,685	0,511
43	C109	16	0,440	4,684	0,509	C109	16	0,440	4,684	0,509

44	I07	27	0,439	4,682	0,507	I07	27	0,439	4,682	0,507
45	I86	34	0,439	4,682	0,506	I86	34	0,439	4,682	0,506
46	I86	12	0,431	4,674	0,504	I86	12	0,431	4,674	0,504
47	I86	29	0,430	4,674	0,503	I86	29	0,430	4,674	0,503
48	C120	15	0,427	4,670	0,501	C120	15	0,427	4,670	0,501
49	I86	25	0,425	4,669	0,500	I86	25	0,425	4,669	0,500
50	B9	30	0,423	4,667	0,498	B9	30	0,423	4,667	0,498
51	I18	27	0,423	4,666	0,497	I18	27	0,423	4,666	0,497
52	I16	36	0,421	4,664	0,495	I16	36	0,421	4,664	0,495
53	C120	11	0,419	4,663	0,494	C120	11	0,419	4,663	0,494
54	B9	10	0,419	4,663	0,492	B9	10	0,419	4,663	0,492
55	C125	21	0,419	4,663	0,491	C125	21	0,419	4,663	0,491
56	C109	23	0,419	4,662	0,490	C109	23	0,419	4,662	0,490
57	C135	15	0,418	4,661	0,488	C135	15	0,418	4,661	0,488
58	C109	10	0,417	4,661	0,487	C109	10	0,417	4,661	0,487
59	B4	29	0,417	4,660	0,486	B4	29	0,417	4,660	0,486
60	I57	8	0,415	4,658	0,485	I57	8	0,415	4,658	0,485
61	I57	30	0,414	4,658	0,484	I57	30	0,414	4,658	0,484
62	I57	1	0,414	4,657	0,483	I57	1	0,414	4,657	0,483
63	I18	25	0,413	4,656	0,481	I18	25	0,413	4,656	0,481
64	I57	23	0,412	4,655	0,480	I57	23	0,412	4,655	0,480
65	I16	14	0,407	4,651	0,479	I16	14	0,407	4,651	0,479
66	C109	33	0,407	4,651	0,478	C109	33	0,407	4,651	0,478
67	I07	26	0,402	4,646	0,477	I07	26	0,402	4,646	0,477
68	I86	19	0,402	4,645	0,476	I86	19	0,402	4,645	0,476
69	I83	28	0,401	4,644	0,475	I83	28	0,401	4,644	0,475
70	I74	13	0,400	4,643	0,474	I74	13	0,400	4,643	0,474
71	C120	37	0,399	4,643	0,473	C120	37	0,399	4,643	0,473
72	I07	30	0,399	4,642	0,472	I07	30	0,399	4,642	0,472
73	C59	11	0,398	4,642	0,471	C59	11	0,398	4,642	0,471
74	I16	40	0,396	4,639	0,470	I16	40	0,396	4,639	0,470
75	I16	11	0,395	4,638	0,469	I16	11	0,395	4,638	0,469
76	I57	38	0,394	4,638	0,468	I57	38	0,394	4,638	0,468
77	I91	16	0,390	4,633	0,467	I91	16	0,390	4,633	0,467
78	I86	2	0,389	4,633	0,466	I86	2	0,389	4,633	0,466
79	I86	32	0,389	4,633	0,465	I86	32	0,389	4,633	0,465
80	B19	11	0,389	4,632	0,464	B19	11	0,389	4,632	0,464
81	I18	39	0,389	4,632	0,463	I18	39	0,389	4,632	0,463
82	I84	20	0,388	4,632	0,462	I84	20	0,388	4,632	0,462
83	I86	39	0,387	4,630	0,461	I86	39	0,387	4,630	0,461
84	I96	27	0,387	4,630	0,460	I96	27	0,387	4,630	0,460
85	C109	9	0,386	4,630	0,459	C109	9	0,386	4,630	0,459
86	I18	23	0,384	4,628	0,458	I18	23	0,384	4,628	0,458
87	I86	6	0,383	4,627	0,458	I86	6	0,383	4,627	0,458

88	I86	14	0,382	4,625	0,457	I86	14	0,382	4,625	0,457
89	C109	15	0,381	4,625	0,456	C109	15	0,381	4,625	0,456
90	I86	28	0,380	4,623	0,455	I86	28	0,380	4,623	0,455
91	I16	37	0,379	4,622	0,454	I16	37	0,379	4,622	0,454
92	C109	30	0,379	4,622	0,453	C109	30	0,379	4,622	0,453
93	C120	18	0,376	4,619	0,452	C120	18	0,376	4,619	0,452
94	I123	27	0,376	4,619	0,452	I123	27	0,376	4,619	0,452
95	I57	26	0,375	4,618	0,451	I57	26	0,375	4,618	0,451
96	IR02	10	0,375	4,618	0,450	IR02	10	0,375	4,618	0,450
97	I07	12	0,374	4,617	0,449	I07	12	0,374	4,617	0,449
98	C125	29	0,374	4,617	0,448	C125	29	0,374	4,617	0,448
99	B4	14	0,372	4,616	0,448	B4	14	0,372	4,616	0,448
100	C59	1	0,371	4,614	0,447	C59	1	0,371	4,614	0,447

Fonte: Do próprio autor.