

Variabilidade genética de caracteres silviculturais em progênes  
de polinização aberta de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*Genetic variation of silvicultural traits in open pollination  
progenies of *Pinus caribaea* var. *bahamensis*Victória Campos Monteiro Pires<sup>1</sup>, Karina Martins<sup>2</sup>, Osmar Vilas Bôas<sup>3</sup>,  
Miguel Luiz Menezes Freitas<sup>4</sup> e Alexandre Magno Sebbenn<sup>5</sup>**Resumo**

A forma mais utilizada para se identificar genótipos com características que satisfaçam as exigências de produtividade é por meio de testes de progênes. Este trabalho teve como objetivo estimar a variação e parâmetros genéticos para caracteres silviculturais de *Pinus caribaea* var. *bahamensis* em um teste de progênes aos 21 anos de idade, instalado na Floresta Estadual de Assis, São Paulo, Brasil. Os componentes de variação genética foram estimados apenas para DAP, para o qual as diferenças entre progênes foram significativas. Para o caráter DAP, foram observadas estimativas elevadas de coeficiente de variação genética ( $CV_g=8,01\%$ ) e herdabilidades, em especial entre médias de progênes ( $h^2_m=0,83$ ). Isso indica a possibilidade de ganhos genéticos promissores nas primeiras gerações de melhoramento. A herdabilidade em nível de plantas individuais foi 35% maior quando as progênes foram consideradas como de meios-irmãos ( $h^2_i=0,57$ ) do que no cenário de sistema misto de reprodução ( $h^2_i=0,42$ ). Como consequência, o ganho genético foi superestimado em 20% quando foram consideradas progênes de meios-irmãos. A estratégia de seleção entre e dentro de progênes poderá resultar em ganhos genéticos elevados, devido à elevada variação genética e ao forte controle genético do caráter.

**Palavras-chave:** Caracteres quantitativos; conservação genética; herdabilidade; melhoramento genético; *Pinus*; variabilidade genética.

**Abstract**

Breeding programs are widely based on progeny tests to ensure the identification of genotypes that best fit a desirable profile. This study aimed at estimating genetic variation and related parameters for silvicultural traits of *Pinus caribaea* var. *bahamensis* in a 21 years-old progeny test established at the State Forest of Assis, São Paulo State, Brazil. The experimental design was a 4 x 5 triple lattice, with 17 treatments, three replications and linear plots of 10 trees. Genetic variance components were estimated only for dbh, for which the phenotypic variation showed a genetic association. For dbh, the coefficient of genetic variation ( $CV_g=8.01\%$ ) and heritability values were high, especially the mean heritability among progenies ( $h^2_m=0.83$ ). Substantial genetic gains in initial generations of breeding could be expected based on these results. Individual-tree heritability for dbh was 35% higher when progenies were considered as half-sib families ( $h^2_i=0.57$ ) compared to a mixed mating system ( $h^2_i=0.42$ ). As a result, the genetic gain would be overestimated by 20% when using half-sib families. High genetic gains can be achieved by selecting within and among progenies due to the high genetic variation and strong genetic control.

**Keywords:** Quantitative traits; genetic conservation; heritability; *Pinus*; genetic variation; tree breeding

**INTRODUÇÃO**

As espécies florestais exóticas foram introduzidas no Brasil com o intuito de promover melhorias no desenvolvimento socioeconômi-

co do país e auxiliar na diminuição da pressão ocasionada às florestas nativas (SAMPAIO *et al.*, 2000). O gênero *Pinus* foi introduzido no país por imigrantes europeus em meados de 1936 com o objetivo de produzir madeira e ter fina-

<sup>1</sup>Engenheira Florestal. UFSCar - Universidade Federal de São Carlos – Campus Sorocaba - Rodovia João Leme dos Santos, Km 110 - SP-264, Bairro do Itinga, Sorocaba - São Paulo – Brasil, CEP 18.052-780 - E-mail: [victoriacmpires@hotmail.com](mailto:victoriacmpires@hotmail.com)

<sup>2</sup>Professora Doutora. UFSCar - Universidade Federal de São Carlos – Campus Sorocaba - Rodovia João Leme dos Santos, Km 110 - SP-264, Bairro do Itinga, Sorocaba - São Paulo – Brasil, CEP 18.052-780 - E-mail: [karimartins@yahoo.com](mailto:karimartins@yahoo.com)

<sup>3</sup>Pesquisador Científico. IF - Instituto Florestal de São Paulo, Divisão de Florestas e Estações Experimentais, Seção de Floresta Estadual de Assis - Estrada Assis-Lutécia, Km 09, Zona Rural, CEP 19802-970 – E-mail: [osmarvb@gmail.com](mailto:osmarvb@gmail.com)

<sup>4</sup>Doutor, Pesquisador Científico. IF - Instituto Florestal de São Paulo, Seção de Melhoramento Florestal -Rua do Horto, 931, Sao Paulo, SP, CEP 02377-000 – E-mail: [miguellmfreitas@yahoo.com.br](mailto:miguellmfreitas@yahoo.com.br)

<sup>5</sup>Doutor. Pesquisador Científico. IF - Instituto Florestal de São Paulo, Estação Experimental de Tupi - Rodovia Luiz de Queiroz, Km 149,5, Piracicaba, SP, CEP 13400-970 – E-mail: [alexandresebbenn@yahoo.com.br](mailto:alexandresebbenn@yahoo.com.br)

lidade decorativa (FIER; KIKUTI, 1993). Porém, devido às diferenças climáticas em relação aos locais de origem das espécies selecionadas por eles, não houve sucesso na adaptação das primeiras espécies introduzidas. Diversas espécies originárias dos Estados Unidos, México, América Central, Ilhas Caribenhas e Ásia foram posteriormente introduzidas, sendo que as espécies de *Pinus* com melhor adaptação e importância econômica no país são provenientes da América do Norte e América Central (SILVA, 2005).

Em 2011, a área plantada de *Pinus* no país foi de 1.641.892 ha, sendo 83% dessa área nos estados da região Sul e 14,3% na região Sudeste (ABRAF, 2012). A concentração nessas regiões é devida às condições edafoclimáticas e à localização dos principais centros processadores desse tipo de madeira. O pinheiro caribenho, *Pinus caribaea* Morelet, é taxonomicamente dividido em três variedades, que ocorrem em regiões geográficas diferentes: *P. caribaea* var. *hondurensis* (América Central), *P. caribaea* var. *caribaea* (oeste de Cuba e Isla de La Juventud) e *P. caribaea* var. *bahamensis* (Ilhas Bahamas e Ilhas Turks & Caicos) (JARDÓN-BARBOLLA *et al.*, 2011). Em árvores adultas, as diferenças morfológicas entre as três variedades são sutis. Segundo Matheson *et al.* (1989), *P. caribaea* é uma espécie monóica com polinização por anemofilia, com predominância de fecundação cruzada. Em sua distribuição natural, *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, ocorre em altitudes que variam do nível do mar a 30 m, com temperatura média de 25°C, chuvas anuais entre 700 a 1.300 mm e solos alcalinos com pH de 7,5 a 8,5 (SEBBENN *et al.*, 2008a).

O melhoramento genético para a espécie é uma estratégia para obter madeira com maior qualidade, melhor adaptabilidade, tolerância a pragas e doenças e manutenção de sua variabilidade genética (FURLAN *et al.*, 2007). Uma das formas mais utilizadas para se identificar genótipos com características que satisfaçam as exigências de produtividade é por meio de testes de progênies (SAMPAIO *et al.*, 2000). Os testes de progênies são plantios estabelecidos em delineamento experimental a partir de sementes (progênies) procedentes de árvores matrizes distintas de uma determinada região. Uma das finalidades dos testes de progênies é avaliar o desempenho dos pais a partir de seus descendentes (progênies) e, com base nos valores genéticos selecionar os indivíduos geneticamente superiores. Como no experimento todas as progênies estão crescendo sob a mesma condição ambiental,

é possível identificar e selecionar os genótipos superiores, fornecendo informações sobre as diferenças entre indivíduos para cada local, além de permitir conhecer a variabilidade genética da espécie (SAMPAIO *et al.*, 2000). Segundo Sebbenn *et al.* (1994), esta variabilidade genética é a matéria-prima para realizar o melhoramento da espécie, sendo fundamental conhecer a sua distribuição entre e dentro de progênies e o grau de controle genético dos caracteres de interesse.

O Instituto Florestal de São Paulo é uma das instituições pioneiras em estudos sobre a conservação *ex situ* e melhoramento genético de algumas espécies do gênero *Pinus*, como os *Pinus* tropicais. Com uso da seleção recorrente intrapopulacional, materiais genéticos mais produtivos tem sido selecionados para cada região do estado desde 1970 (SEBBENN *et al.*, 1994). Nas estações experimentais deste Instituto no estado de São Paulo foram implantados diversos testes de procedências e progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis* visando estimar a variação genética de caracteres de crescimento, forma do fuste e produção de resina, bem como a seleção de materiais mais produtivos (FREITAS *et al.*, 2005; GURGEL GARRIDO *et al.*, 1996; 1999; SEBBENN *et al.*, 2008a,b; SEBBENN *et al.*, 1994). Essas estimativas têm revelado valores substanciais para coeficientes de variação genética e herdabilidades, assim como tem sido encontrado em trabalhos realizados por outros grupos de pesquisa (MISSIO *et al.* 2004; ZHENG *et al.* 1994).

Dentro deste contexto, este trabalho teve como objetivo estimar a variação e parâmetros genéticos para os caracteres silviculturais de *P. caribaea* var. *bahamensis* em um teste de progênies aos 21 anos de idade na Floresta Estadual de Assis-SP.

## MATERIAL E MÉTODOS

### Local e delineamento experimental

O teste de progênie de *P. caribaea* var. *bahamensis* foi instalado em 1987 na Floresta Estadual de Assis, região oeste do estado de São Paulo. O local situa-se nas latitudes 22°35' S e 50°22' W, com altitude média de 562 m. O clima é classificado segundo Koeppen como uma zona de transição climática entre os tipos Cwa (clima temperado úmido com inverno seco e verão quente) e Cfa (clima tropical úmido). A precipitação média anual é de 1400 mm e a temperatura média anual é de 21,8°C, já o solo é caracterizado como Latossolo Vermelho Distrófico álico típico A moderado com textura média (EMBRAPA, 1999).

Para implantação do experimento em 1987, as sementes de polinização aberta foram obtidas de 16 árvores matrizes a partir da seleção massal (seleção fenotípica) para volume, forma do fuste e produção de resina em um plantio comercial estabelecido em 1969, na Floresta Estadual de Assis. As matrizes pertencem ao programa de melhoramento genético do Instituto Florestal de São Paulo. O teste de progênie é composto de uma testemunha comercial além das 16 progênies. O delineamento experimental utilizado foi o látice triplo 4 x 5, totalizando 17 tratamentos com três repetições. O látice é um tipo de delineamento de blocos incompletos, sendo que em cada repetição há quatro blocos e nesses há cinco tratamentos (quatro progênies e testemunha comercial). A testemunha comercial é considerada o tratamento comum, uma vez que está presente em todos os blocos. As parcelas contêm 10 plantas em linha no espaçamento de 3 x 3 m. Foi adicionada ainda uma bordadura de três linhas a fim de reduzir os efeitos ambientais de borda no experimento. Em março de 1996, realizaram um desbaste técnico para retirada de 30% das árvores remanescentes. Aos 21 anos de idade, em 2008, foram mensurados os caracteres diâmetro a altura do peito (DAP) e altura total (AT) por meio de suta graduada e hipsômetro de Blume-Leiss, respectivamente.

### Varição genética e estimativas dos componentes de variância

Os dados foram analisados por meio de análises de variância com uso do programa estatístico SAS (SAS, 1999). Devido ao fato de haver um desbalanceamento experimental em relação ao número de árvores remanescentes e sobreviventes por parcela após a realização do desbaste em 1996, a análise de variância para o teste F foi realizada por meio do procedimento GLM e a estimativa de componentes de variância pelo método de REML (*Restricted Maximum Likelihood*). A análise de variância e as estimativas dos componentes de variância foram realizadas utilizando-se um modelo de blocos ao acaso, uma vez que a variação entre blocos não foi significativa. A análise do experimento de Látice com uso do modelo de blocos foi adotada porque o efeito de blocos foi mínimo, como sugerido por Pimentel-Gomes e Garcia (1991):

$$Y_{ijk} = m + t_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk}$$

Em que  $Y_{ijk}$  = desempenho médio do k-ésimo indivíduo do j-ésimo bloco da i-ésima progênie;

$m$  = média geral da variável em análise;  $t_i$  = efeito da i-ésima progênie ( $i = 1, 2, 3, \dots, I$ );  $b_j$  = efeito do j-ésimo bloco, ou efeito ambiental da ij-ésima parcela;  $e_{ij}$  = efeito da interação entre a i-ésima progênie do j-ésimo bloco ou efeito ambiental da i-ésima parcela;  $d_{ijk}$  = efeito do k-ésimo indivíduo dentro da ij-ésima parcela. Todos os efeitos do modelo foram assumidos como sendo aleatórios, sendo que  $K$  é o número de árvores por progênie,  $j$  é o número de blocos,  $i$  é o número de tratamentos (16 progênies e 1 testemunha comercial) e  $\bar{K}$  é a média harmônica do número de árvores por parcela.

A partir destas análises estimou-se os componentes de variância genética entre progênies ( $\hat{\sigma}_p^2$ ), variância devido a interação entre progênies e repetições (resíduo) ( $\hat{\sigma}_e^2$ ) e variância dentro de progênies ( $\hat{\sigma}_d^2$ ). A variância fenotípica total ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) foi estimada por  $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2$ .

### Estimativas de Herdabilidades e Coeficiente de Variação Genética

As estimativas de herdabilidades e coeficientes de variação genética seguem modelo proposto por Namkoong (1979). A variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ) foi estimada por  $\hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_p^2 / \hat{r}_{xy}$ , em que ( $\hat{r}_{xy}$ ) é a estimativa do coeficiente de parentesco ou co-variância genética aditiva entre plantas dentro de progênies, que foi estimada por meio do modelo proposto por Ritland (1989):

$$\hat{r}_{xy} = 0,25(1 + \hat{F}_p)[4\hat{s} + (\hat{t}^2 + \hat{t}\hat{r}_s)(1 + \hat{r}_p)]$$

Sendo  $\hat{F}_p$  = coeficiente de endogamia na geração parental;  $\hat{s}$  = taxa de autofecundação;  $\hat{t}$  = taxa de cruzamento;  $\hat{r}_s$  = correlação de autofecundação (variação individual nas taxas de cruzamento) e  $\hat{r}_p$  = correlação de paternidade (proporção de irmãos-completos dentro de progênies).

Para cálculo do coeficiente de parentesco foram utilizadas as taxas de cruzamento ( $t$ ) estimadas por Matheson *et al.* (1989) para duas populações naturais de *P. caribaea* var. *bahamensis*, com uso de marcadores isoenzimáticos. No presente trabalho, calculou-se a taxa de cruzamento média entre as estimativas obtidas por Matheson *et al.* (1989) para duas populações (0,85 e 0,93), ou seja,  $t = 0,89$ . Por subtração, a taxa de autofecundação foi estimada em  $\hat{s} = 0,11$ . Os coeficientes  $\hat{F}_p$  e  $\hat{r}_s$  foram assumidos como zero (Sebbenn *et al.*, 2008a). Já a proporção de irmãos-completos ( $\hat{r}_p$ ) foi assumida como 15% (Sebbenn *et al.*, 2008a), o que resulta em um coeficiente de parentesco dentro de progênies de  $\hat{r}_{xy} = 0,338$ . Com o intuito de avaliar os impac-

tos da correção da variância genética aditiva e seus parâmetros dependentes, estimou-se ainda a variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_a^2$ ), considerando as progênies como meios-irmãos ( $\hat{r}_{xy} = 0,250$ ).

Os coeficientes de herdabilidade e o coeficiente de variação genética foram estimados como segue:

Herdabilidade em nível de plantas individuais ( $\hat{h}_i^2$ ):

$$\hat{h}_i^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2}$$

Herdabilidade média entre progênies ( $\hat{h}_m^2$ ):

$$\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{J} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{KJ}}$$

Herdabilidade dentro de progênies ( $\hat{h}_d^2$ ):

$$\hat{h}_d^2 = \frac{(1 - \hat{r}_{xy})\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2}$$

Coefficiente de variação genética ( $CV_g$ ):

$$CV_g = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2}}{\bar{x}} \times 100$$

Em que  $\bar{x}$  é a estimativa média do caráter. Os outros parâmetros foram definidos anteriormente.

### Ganhos de Seleção

A resposta esperada na seleção ( $R_{ed}$ ) foi estimada para as intensidades de seleção das 10 melhores progênies (63%;  $i_e = 1,0392$ ) e da melhor árvore dentro das melhores progênies (7%;  $i_d = 1,7552$ ). Os valores de  $i_e$  e  $i_d$  foram obtidos em Hallauer e Miranda-Filho (1988). A partir destas informações calculou-se a resposta esperada à seleção por:

$$R_{ed} = i_e \hat{h}_m^2 \sqrt{\hat{\sigma}_F^2} + i_d \hat{h}_d^2 \sqrt{\hat{\sigma}_d^2}$$

Em que  $i_e$  = intensidade de seleção entre progênies e  $i_d$  = intensidade de seleção dentro de progênies. Já a resposta de seleção em porcentagem foi calculada por:

$$R_{ed}(\%) = 100 \times \left( \frac{R_{ed}}{\bar{x}} \right)$$

Em que  $\bar{x}$  média do caráter em análise.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

### Varição entre progênies

Os resultados da análise de variância demonstram que houve diferença significativa entre progênies tanto para altura quanto para diâmetro à altura do peito (DAP) (Tabela 1).

Isto indica que há variação genética entre as progênies e a possibilidade de realizar melhoramento genético para esses caracteres por meio da seleção. Freitas *et al.* (2005) e Sebbenn *et al.* (2008b) também observaram variação genética significativa entre progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis* para caracteres de crescimento, o que indica a possibilidade de ganhos genéticos promissores nas primeiras gerações de melhoramento. Para *Pinus caribaea* var. *caribaea*, por outro lado, os níveis de variação genética tem sido menos expressivos (SILVA, 2005).

O coeficiente de variação experimental foi baixo para altura e médio para DAP (Tabela 1). Esses valores são semelhantes aos encontrados em outro experimento da espécie em idade parecida (Freitas *et al.*, 2005) e maiores que o observado em plantios mais jovens (MISSIO *et al.*, 2004; SEBBENN *et al.*, 1994). As médias para os dois caracteres foram muito similares à média da testemunha comercial, o que ressalta a qualidade genética do material e a boa adaptação ao local do plantio. Isto ocorre devido ao fato da testemunha comercial utilizada possuir características consideradas como superiores quando comparadas com outros plantios.

**Tabela 1.** Resultado da análise de variância, coeficiente de variação experimental (CV) e estimativas médias para DAP (cm) e altura (m) em 16 progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis* e de uma testemunha comercial, em Assis-SP.

**Table 1.** Results of analysis of variance, coefficient of experimental variation (CV) and mean estimates for DBH (cm) and height (m) in 16 progenies of *Pinus caribaea* var. *bahamensis* and commercial witness, in Assis-SP.

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios	
		DAP	Altura
Blocos	2	6,453 <sup>ns</sup>	3,326 <sup>ns</sup>
Progênies	15	91,818 <sup>**</sup>	10,689 <sup>**</sup>
Entre parcelas	30	23,208 <sup>ns</sup>	11,995 <sup>**</sup>
CV (%)		20,4	10,1
Média		28,6±0,2	20,3±0,1
Média da testemunha		28,7	20,4

\*\* p < 0,01; ns não significativo

As progênies 3 e 7 apresentaram as maiores médias de DAP, enquanto que as progênies com maiores médias em altura foram a 15 e a 29 (Tabela 2). Houve uma maior diferença entre as progênies em crescimento de DAP, que variou de 22,5 a 34,4 cm, enquanto que para a altura as árvores apresentaram crescimento próximo de 20 m com pouca variação entre progênies (Tabela 2). Esta variação significativa no crescimento para o caráter DAP sugere que diferentes progênies podem ser selecionadas.

**Tabela 2.** Estimativas de médias ( $\pm$  erro padrão) para DAP (cm) e altura (m) das progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis* e de uma testemunha comercial, em Assis, SP.

**Table 2.** Estimated mean ( $\pm$  standard error) for dbh (cm) and height (m) in a progeny test of *Pinus caribaea* var. *bahamensis* and a commercial control in Assis, SP.

Progênie	Nº de árvores	DAP (cm)	Altura (m)
1	14	30,8 $\pm$ 1,6	20,7 $\pm$ 0,9
2	13	30,0 $\pm$ 2,0	18,3 $\pm$ 0,7
3	11	32,3 $\pm$ 1,8	19,4 $\pm$ 0,4
4	15	26,6 $\pm$ 1,7	19,2 $\pm$ 0,7
5	12	25,7 $\pm$ 1,6	20,0 $\pm$ 0,4
6	9	29,0 $\pm$ 1,0	20,5 $\pm$ 0,8
7	12	34,4 $\pm$ 1,6	20,9 $\pm$ 0,5
12	13	29,3 $\pm$ 1,4	20,8 $\pm$ 0,6
13	13	25,5 $\pm$ 1,7	20,6 $\pm$ 0,5
14	15	28,8 $\pm$ 1,0	20,7 $\pm$ 0,6
15	10	28,8 $\pm$ 2,0	21,4 $\pm$ 0,6
18	11	22,5 $\pm$ 1,8	20,6 $\pm$ 0,6
22	11	26,3 $\pm$ 1,5	20,5 $\pm$ 0,6
25	13	29,4 $\pm$ 1,3	18,7 $\pm$ 0,6
27	12	28,0 $\pm$ 1,6	20,5 $\pm$ 0,5
29	14	28,4 $\pm$ 1,2	21,3 $\pm$ 0,5
T	52	29,1 $\pm$ 0,8	20,3 $\pm$ 0,4

### Varição genética e herdabilidades

A estimativa dos componentes de variância não detectou variação genética entre as progênies para o caráter altura, devido à ocorrência de correlações intra-classes, que resultou em componentes com valor negativo. Dessa forma, são apresentados na Tabela 3 os resultados apenas para o caráter DAP, considerando uma população composta por progênies de meios-irmãos ( $\hat{r}_{xy} = 0,250$ ) e uma originada de sistema misto, com diversas frequências de parentesco dentro das progênies ( $\hat{r}_{xy} = 0,338$ ).

A variância genética aditiva entre progênies de meios-irmãos foi superestimada em 35% em comparação a estimativa que considera o sistema de reprodução como misto. Essa superestimativa irá impactar na herdabilidade em nível de plan-

tas individuais e na resposta à seleção, como será discutido. O coeficiente de variação genética para DAP foi alto (Tabela 3) e superior ao observado nos demais estudos com a espécie, avaliados no estado de São Paulo, cujos valores têm variado de 1,9% e 6,6% (FREITAS *et al.*, 2005; GURGEL GARRIDO *et al.*, 1996; SEBBENN *et al.*, 2010; SEBBENN *et al.*, 2008a,b; SEBBENN *et al.*, 1994). O coeficiente de variação genética estimado para as 16 progênies desse estudo foi 43% maior que o estimado em um teste com 119 progênies da espécie em Selvíria-MS (MISSIO *et al.*, 2004). Considerando ainda que o ensaio de Assis já foi desbastado, constata-se que a magnitude da variação genética é substancial e possibilitará ganhos genéticos expressivos com a seleção.

Como consequência da elevada variação genética, as herdabilidades foram superiores às estimadas nos demais trabalhos citados anteriormente (FREITAS *et al.*, 2005; GURGEL GARRIDO *et al.*, 1999; SEBBENN *et al.*, 2010; SEBBENN *et al.*, 2008a,b; SEBBENN *et al.*, 1994). A herdabilidade em nível de plantas individuais foi 35% maior quando as progênies foram consideradas como de meios-irmãos do que no cenário de sistema misto de reprodução, enquanto que a herdabilidade média dentro de progênies foi 53% maior para o cenário de meios-irmãos. Estes resultados demonstram o quanto a variância genética aditiva – e como consequência as herdabilidades individuais e dentro de progênies – são superestimadas quando se supõe que as progênies sejam apenas de meios-irmãos, originados de populações sem endogamia e parentesco.

A resposta à seleção foi alta, resultado já esperado devido aos altos valores estimados para os outros parâmetros genéticos. Entretanto, visualiza-se que para o cenário de meios-irmãos o ganho é superestimado em 20% em comparação ao sistema misto. Esses resultados demons-

**Tabela 3.** Estimativas de parâmetros genéticos para DAP em teste de progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, em Assis-SP.

**Table 3.** Estimates of genetic parameters for dbh in a progeny test of *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, in Assis, SP.

Parâmetros	Meios irmãos	Sistema misto
Variância entre progênies – $\hat{\sigma}_p^2$	5,29	5,29
Variância dentro de progênies – $\hat{\sigma}_d^2$	31,93	31,93
Variância aditiva – $\hat{\sigma}_A^2$	21,15	15,64
Coeficiente de variação genética – $CV_g$ (%)	8,01	8,01
Herdabilidade em nível de plantas individuais – $\hat{h}_i^2$	0,57	0,42
Herdabilidade média entre progênies – $\hat{h}_m^2$	0,83	0,83
Herdabilidade média dentro de progênies – $\hat{h}_d^2$	0,50	0,32
Ganho de seleção – $R_{ed}$ (cm)	10,20	8,49
Ganhos de seleção em % – $R_{ed}$ (%)	35,54	29,58
Média predita da pop. melhorada (cm)	38,92	37,21

tram a importância de se utilizar informações sobre o sistema reprodutivo obtidas em populações naturais para uma estimativa mais precisa dos parâmetros genéticos, os quais subsidiam a decisão sobre as estratégias e intensidades de seleção aplicadas no melhoramento.

Os ganhos elevados (Tabela 3) foram preditos com base na seleção das 10 melhores progênies e de uma árvore de cada progênie selecionada, sendo que o tamanho final da população de recombinação seria de 10 árvores. Essa magnitude de ganho é esperada em plantios com a mesma idade (21 anos) e implantados nas mesmas condições ambientais a da presente pesquisa, e que foram obtidos a partir de sementes coletadas após o desbaste seletivo. A alta intensidade de seleção adotada visa principalmente à formação de um pomar de sementes para produção de sementes para plantio comerciais.

## CONCLUSÃO

A variação genética entre as progênies para o caráter DAP é superior aos valores relatados para os testes de progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis* implantados no Brasil.

Quando se considera que as progênies dessa espécie são apenas de meios-irmãos originadas de uma população sem endogamia e parentesco há uma superestimação dos ganhos genéticos em 20%.

A estratégia de seleção entre e dentro de progênies poderá resultar em ganhos genéticos elevados, devido à elevada variação genética, ao forte controle genético do caráter e à forte intensidade de seleção aplicada.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABRAF – ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES DE FLORESTAS PLANTADAS. *Anuário estatístico a ABRAF: ano base 2011*. Brasília: ABRAF, 2012. 150p.

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. *Sistema brasileiro de classificação de solos*. Rio de Janeiro: EMBRAPA Solos, 1999.

FIER, I.S.N.; KIKUTI, P. Perspectivas para a utilização de espécies de *Pinus* spp. Do México e América Central na região de Telêmaco Borba-PR. In: CONGRESSO FLORESTAL 98 PANAMERICANO, 1. CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 7., 1993, Curitiba. *Anais...* São Paulo: SBS, SBEF, v.1, 1993. p.139-143.

FREITAS, M.L.M.; SEEBENN, A.M.; MORAIS, E.; ZANATTO, A.C.S.; SOUZA, C.M.R.; LEMOS, S.V. Estimativa de parâmetros genéticos e ganhos na seleção em *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, aos 22 anos de idade. *Revista Instituto Florestal*, São Paulo, v.17, n.1, p.103-111, 2005.

FURLAN, R.A.; MORI, E.S.; TAMBARUSSI, E.V.; MORAES, C.B.; JESUS, F.A.; ZIMBACK, L. Estrutura genética de populações de melhoramento de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* por meio de marcadores de microssatélites. *Bragantia*, Campinas, v.66, n.4, p.553-563, 2007.

GURGEL GARRIDO, L.M.A.; GARRIDO, M.A.O.; PIRES, C.L.S.; PALOMO, M. Variação genética em progênies e procedências de *Pinus caribaea* Mor. var. *bahamensis*. *Barr. et Golf. para produção de resina e características de crescimento*. *Revista Instituto Florestal*, São Paulo, v.11, n.2, p.105-121, 1999.

GURGEL-GARRIDO, L.M.A.; ROMANELLI, R.C.; GARRIDO, M.A.O. Variabilidade genética de produção de resina, DAP e altura em *Pinus caribaea* Mor. var. *bahamensis*. *Barr. et. Golf*. *Revista Instituto Florestal*, São Paulo, v.8, n.2, p.89-98, 1996.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames: Iowa State University Press, 1988. 375p

JARDÓM-BARBOLLA L., DELGADO-VALERIO, P. GEADA-LOPEZ, G. VÁSQUEZ-LOBO, A. PIÑERO, D. Phylogeography of *Pinus* subsection *Australes* in the Caribbean Basin. *Annals of Botany*, Oxford, v.107, n.2, p.229-241, 2011.

MATHESON, A.C.; BELL, J.C.; BARNES, R.D. Breeding system and genetic structure in some Central American pine populations. *Silvae Genetica*, Frankfurt, v.38, n.3-4, p.107-113, 1989.

MISSIO, R.F.; CAMBUIM, J.; MORAES, M.L.T.; PAULA, R.C. Seleção simultânea de caracteres em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis*. *Scientia Forestalis*, Piracicaba, n.66, p.161-166, 2004.

NAMKOONG, G. *Introduction to quantitative genetics in forestry*. Washington, D.C.: Forest Service, 1979. 342p. (Technical Bulletin, 1588).

PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C.H. Experimentos em látex: planejamento e análise por meio de "pacotes" estatísticos. *Série Técnica IPEF*, Piracicaba, v.7, n.23, p.1-69, 1991.

- RITLAND, K. Correlated matings in the partial selfer *Mimulus guttatus*. **Evolution**, San Francisco, v.43, n.4, p.848-859, 1989.
- SAS INSTITUTE INC. **SAS procedures guide**. Version 8 (TSMO). Cary, 1999. 454p.
- 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, v.35, n.11, p.2243-2253, 2000.
- SEBBENN, A.M., PIRES, C.L.S.; 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 Instituto Florestal**, São Paulo, v.6, n.1, p. 63-73, 1994.
- SEBBENN, A.M.; VILAS BOAS, O.; MAX, J.C.M.; FREITAS, M.L.M. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos na seleção para caracteres de crescimento em teste de progênies de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* e var. *bahamensis*, em Assis, SP. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 22, n. 2, p. 279-288, 2010.
- SEBBENN, A.M.; VILAS BOAS, O.; MAX, J.C.M. Variação genética, herdabilidade 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. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 20, n.2, p. 103-115, dez. 2008a.
- SEBBENN, A. M.; VILAS BOAS, O.; MAX, J. C. M. Altas herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento em teste de progênies de polinização aberta de *Pinus elliottii* Engelm var. *elliottii* aos 25 anos de idade em Assis-SP. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v.20, n.2, p. 95-102, 2008b.
- SILVA, J.M. **Análise genética em progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* por caracteres quantitativos e marcadores moleculares**. 2005. 129p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira, 2005.
- ZHENG, Y.O.; ENNOS, R.; WANG, H.R. Provenance variation and genetic parameters in a trial of *Pinus caribaea* Morrelet var. *bahamensis* and Golf. **Forest Genetics**, Zvolen, v.1, N.2, p.165-174, 1994.

Recebido em 23/05/2012

Aceito para publicação em 19/12/2012

