

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

THAIS CRISTINA VAGAES

ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO PARA *Pinus taeda* L. NO  
PLANALTO CATARINENSE

CURITIBA

2013

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

THAIS CRISTINA VAGAES

ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO PARA *Pinus taeda* L. NO  
PLANALTO CATARINENSE

Dissertação apresentada ao Curso de Pós - Graduação em Engenharia Florestal, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Ciências Florestais, Área de Concentração: Silvicultura.

Orientador: Prof. Dr. Antonio Rioyei Higa  
Co-orientadora: Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Luciana Duque Silva

CURITIBA

2013

Ficha catalográfica elaborada por Denis Uezu – CRB 1720/PR  
Biblioteca de Ciências Florestais e da Madeira - UFPR

Vagaes, Thais Cristina

Estratégias de melhoramento genético para *Pinus taeda* L. no planalto catarinense / Thais Cristina Vagaes. – 2014

71 f. : il.

Orientador: Prof. Dr. Antonio Rioyei Higa

Coorientador: Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Luciana Duque Silva

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal do Paraná, Setor de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal. Defesa: Curitiba, 25/02/2013.

Área de concentração: Silvicultura

1. *Pinus taeda* – Melhoramento genético. 2. *Pinus taeda* – Santa Catarina. 3. Genética florestal. 4. Teses. I. Higa, Antonio Rioyei. II. Silva, Luciana Duque. III. Universidade Federal do Paraná, Setor de Ciências Agrárias. IV. Título.

CDD – 634.9

CDU – 634.0.165.3

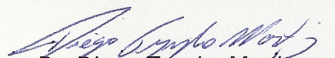


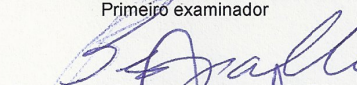
Universidade Federal do Paraná  
Setor de Ciências Agrárias - Centro de Ciências Florestais e da Madeira  
Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal

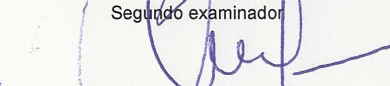
## PARECER

Defesa nº. 957

A banca examinadora, instituída pelo colegiado do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, do Setor de Ciências Agrárias, da Universidade Federal do Paraná, após arguir o(a) mestrando(a) *Thais Cristina Vagaes* em relação ao seu trabalho de dissertação intitulado "**ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO PARA *Pinus taeda* L. NO PLANALTO CATARINENSE**", é de parecer favorável à **APROVAÇÃO** do(a) acadêmico(a), habilitando-o(a) ao título de *Mestre* em Engenharia Florestal, área de concentração em SILVICULTURA.

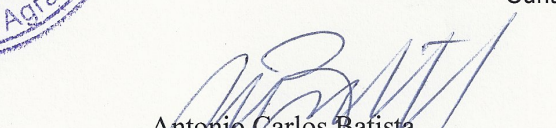
  
Dr. Diego Tyszka Martínez  
Universidade Federal de Mato Grosso  
Primeiro examinador

  
Dr. João Carlos Bessalho Filho  
Universidade Federal do Paraná  
Segundo examinador

  
Dr. Antonio Riroyei Higa  
Universidade Federal do Paraná  
Orientador e presidente da banca examinadora



Curitiba, 25 de fevereiro de 2013.

  
Antonio Carlos Batista  
Coordenador do Curso de Pós-Graduação em Engenharia Florestal  
Carlos Roberto Sanquetta  
Vice-coordenador do curso

Dedico aos meus amados pais,  
Hugo Vagaes e Telma Cristina Gabriani Vagaes  
Por tudo que fizeram para mim, que não foi pouco...

**Amo muito vocês.**

E ao LAMEF, por todas as oportunidades,  
e amigos que levo no meu coração.

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus e a minha querida santinha, Nossa Senhora da Aparecida, por todas as vezes que pedi ajuda.

Ao querido Prof. Dr. Antonio Rioyei Higa, do Departamento de Ciências Florestais na Universidade Federal do Paraná pela grande orientação, apoio, compreensão e constante incentivo na elaboração deste trabalho e na minha formação como Engenheira Florestal. Também pelo carinho, amizade, confiança, que permitiu a realização de um dos projetos mais importantes da minha vida.

A Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Luciana Duque Silva, do Departamento de Ciências Florestais da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz da Universidade de São Paulo – ESALQ/USP, pelo grande incentivo e ajuda na construção deste trabalho e na minha vida.

Aos membros da banca, Prof. Dr. Diego Tyszka Martines, Prof. Dr. João Carlos Bessalhoc Filho, que gentilmente colaboraram e compartilharam com sabedoria seus conhecimentos.

A empresa Battistella Florestal pela oportunidade da realização de uma parceria para o desenvolvimento, financiamento e acompanhamento dos experimentos, e em especial à equipe de Pesquisa Florestal da empresa, pelo apoio na coleta de dados e execução do trabalho.

A Universidade Federal do Paraná, ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal e a Capes, pela oportunidade concedida para a execução dessa dissertação e, aos professores do Programa, pelos conhecimentos transmitidos e, em especial ao Laboratório de Genética e Melhoramento Florestal - LAMEF da UFPR.

Ao Grupo CMPC, nas pessoas de Rodrigo Alarcon, Renato Rostirolla e Walter Lídio, pelo apoio para a entrega da versão final deste trabalho e a todos meus colegas, em especial a Glêison Augusto dos Santos e Franco Freitas Quevedo, pela confiança no meu trabalho e formação profissional, além do apoio para a conclusão deste trabalho.

A minha linda família, meu pai Hugo Vagaes, a minha mãe Telma Cristina Gabriani Vagaes, meu irmão Bruno, a minha cunhada Fernanda, as minhas avós Chiquinha e Kristina, meu avô Dionízio, meus tios e tias, primos e minha afilhadinha, pelo carinho e apoio nos momentos difíceis, mesmo tão distantes.

A minha querida Dona Carmen, minha mãe na Universidade, que me ajudou durante todos os anos da minha formação.

Aos meus queridos amigos do LAMEF....Juliana, Milena, Juliane, Paula, Fabrício, Penha, Adriane, Nicole, Bruno, Douglas, Rafael, Roberto, Andrea, Rafael, Mário, Ecléia, Paulo, Sérgio, e a todos que fizeram parte desta fase da minha vida no LAMEF.

A Luana e José Vicente que me ajudaram de maneira divertida e especial na coleta dos dados da dissertação.

Ao Denis Uezu, funcionário da Biblioteca de Ciências Florestais e da Madeira da UFPR, pela eficiência e pronto atendimento no trabalho de revisão das referências dessa dissertação.

Em especial as minhas três grandes amigas Valesca, Mahayana e Francielen, pela confiança e ajuda na minha vida. E sei que vão sempre me ajudar. Adoro vocês.

A todos que, de alguma forma, contribuíram para realização deste trabalho.

Muito obrigada!

## **BIOGRAFIA**

THAIS CRISTINA VAGAES, filha de Hugo Vagaes e Telma Cristina Gabriani Vagaes. Nasceu em 19 de março de 1987, na cidade de Penápolis/SP. Em 2006 ingressou no Curso de Engenharia Florestal da Universidade Federal do Paraná – UFPR, onde formou-se Engenheira Florestal em 2010. Em 2011 ingressou no Programa de Pós-graduação em Engenharia Florestal da Universidade Federal do Paraná - UFPR na Linha de Pesquisa Silvicultura.



## RESUMO

Os plantios florestais são unidades estratégicas de negócio que visam atender as demandas crescentes do mercado para produtos da madeira, com produtos de alto valor agregado. A maximização da rentabilidade dessas plantações florestais tem sido baseada no uso de material genético selecionado e em práticas silviculturais adequadas. Assim, programas de melhoramento genético para *Pinus taeda* tem sido desenvolvidos em busca de consecutivos ganhos em produtividade e qualidade da madeira para fins específicos. O objetivo deste trabalho foi propor uma estratégia de melhoramento genético para a produção de madeira de *P. taeda*, baseada em resultados de análises de estabilidade, adaptabilidade e produtividade de um teste de progênies estabelecido nos municípios de Lages e Rio Negrinho, estado de Santa Catarina. Em cada local, o teste de progênies foi plantado em blocos casualizados, com 115 tratamentos (progênies), cinco repetições e cinco plantas por parcela. Foram avaliadas as variáveis diâmetro a altura do peito (DAP) e altura das árvores. Estimou-se também o volume individual de cada árvore. A média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) foi estimada pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e, os componentes de variância, pela melhor predição linear não viciada (BLUP). As MHPRVG permitiram a seleção de progênies com alto potencial produtivo predito, classificadas simultaneamente por produtividade, estabilidade e adaptabilidade. Os elevados valores estimados para herdabilidade média de progênies de 0,515 para Lages e 0,416 para Rio Negrinho, permitiram estimar ganhos significativos com a seleção das progênies superiores considerando a variável DAP. O ótimo nível de acurácia, acima de 72 %, indicou alta relação entre o valor genético verdadeiro e o predito. Conclui-se que a melhor estratégia para otimizar o ganho genético é a formação de um único Pomar Clonal de Sementes de *P. taeda*, com os melhores indivíduos das 30 melhores progênies selecionadas em conjunto para as duas regiões, com base na variável DAP, combinando produtividade, estabilidade e adaptabilidade. A manutenção da variabilidade a longo prazo poderá ser atingida pela transformação do teste de progênies em um Pomar de Sementes por Mudas, com seleção de 50% das progênies ou famílias e uma planta por parcela destas progênies, tanto em Lages como em Rio Negrinho, o que manterá um tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) de 145, suficiente para manter a base genética visando seleção para outras variáveis como qualidade do fuste e em gerações avançadas.

Palavras chaves: Estabilidade, adaptabilidade, produtividade, parâmetros genéticos, seleção genética.

## ABSTRACT

Forest plantations are units of strategic business designed to meet the growing demands of the market for wood products, with high added value. Maximizing the profitability of forestry plantations, can be based on the use of selected genetic material and the use of appropriate silvicultural practices. Thus, breeding programs for *Pinus taeda* has been developed aiming consecutive gains in productivity and quality of wood for specific purposes. The main objective of this study was to propose a breeding strategy for lumber production of *P. taeda*, based on results of analyzes of stability, adaptability and productivity of a progeny test established in Lages and Rio Negrinho, Santa Catarina state. The progeny test was planted in randomized blocks, with 115 treatments (progenies), five plants per plot and distributed in five replications. The measured variables were: diameter at breast height (DBH) and tree height, which were used also to estimate the individual tree volume. Harmonic mean of the relative performance of breeding values (MHPRVG) was estimated by restricted maximum likelihood (REML) and best linear unbiased prediction (BLUP) to estimate variance components. MHPRVG allowed the classification of progenies by productivity, stability and adaptability and selection of progenies with high yield potential predicted. The high heritability estimated at progenies levels, average of 0.515 for Lages and 0.416 for Rio Negrinho, suggested we could predict significant gains with the selection of superior progenies. The optimal level of accuracy, above 72%, indicated a high relationship between the true and predicted breeding values. It was concluded that the best strategy to optimize genetic gain is the formation of a single Clonal Seed Orchard of *P. taeda*, with the best individuals selected in the top 30 progenies or families, in both regions, based on DBH, combining productivity, stability and adaptability. The maintenance of long-term genetic variability can be achieved by transforming the progeny test in a Seedling Seed Orchard, based on the selection of 50% best progenies or families and one plant per plot in both localities, Lages and Rio Negrinho. This strategies allow us to keep an effective population size ( $N_e$ ) of 145, enough to maintain genetic basis in order to include selection for other variables such as stem and wood quality in advanced generations.

Key words: Stability, adaptability, productivity, genetic parameters, genetic selection.

## LISTA DE FIGURAS

- FIGURA 1 - DISTRIBUIÇÃO NATURAL DO *P. taeda* L. NOS ESTADOS UNIDOS..... 15
- FIGURA 2 - MUNICÍPIOS DE INSTALAÇÃO DO TESTE DE PROGÊNIES DE *Pinus taeda*, NO ESTADO DE SANTA CATARINA..... 25

## LISTA DE TABELAS

TABELA 1 - HERDABILIDADES ASSOCIADAS AOS CARACTERES DE CRESCIMENTO EM DIFERENTES ESPÉCIES DE PINUS.....	20
TABELA 2 - LOCALIZAÇÃO GEOGRÁFICA E ALTITUDE DOS MUNICÍPIOS ONDE FORAM INSTALADOS O TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> L.....	26
TABELA 3 - DADOS DE TEMPERATURAS, PRECIPITAÇÃO, UMIDADE, DAS ÁREAS DE ESTUDO.....	26
TABELA 4 - ESTIMATIVAS DOS COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO GENÉTICA ADITIVA EM NÍVEL DE PLANTAS DAS CARACTERÍSTICAS VOLUMECC X DAP E VOLUMECC X ALTURA, NOS DOIS DIFERENTES LOCAIS DE INSTALAÇÃO DO TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> L.....	37
TABELA 5 - PARÂMETROS GENÉTICOS DA VARIÁVEL DAP DO TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> L. NOS DOIS LOCAIS DE PLANTIO.....	39
TABELA 6 - PARÂMETROS GENÉTICOS DA VARIÁVEL DAP E ALTURA DAS FAMÍLIAS DO TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> L. PELA ANÁLISE CONJUNTA, NOS MUNICÍPIOS DE LAGES E RIO NEGRINHO, NO ESTADO DE SANTA CATARINA.....	42
TABELA 7 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA AS VARIÁVEIS DAP E ALTURA PARA PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> L., AVALIADOS NA ANÁLISE CONJUNTA ENTRE OS AMBIENTES PARA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE.....	44
TABELA 8 - ORDENAMENTO DAS PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i> L. RESULTANTES DA ANÁLISE DE ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE E ANÁLISE CONJUNTA PARA A VARIÁVEL DAP ENVOLVENDO OS DOIS LOCAIS DE PLANTIO: LAGES E RIO NEGRINHO.....	46
TABELA 9 - ORDENAMENTO DAS PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> L. NOS TRÊS DIFERENTES MÉTODOS DE SELEÇÃO PARA POMAR DE SEMENTES POR MUDAS PARA LAGES E RIO NEGRINHO COM BASE NOS VALORES ADITIVOS DA VARIÁVEL DAP.....	49
TABELA 10 - ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS, GANHOS GENÉTICOS (G%) E NOVA MÉDIA NO ESTABELECIMENTO DE UM POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS) DE <i>P. taeda</i> L., PELA SELEÇÃO DOS 30 INDIVÍDUOS COM MAIORES VALORES GENÉTICOS, PARA A VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.....	53

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO .....</b>	<b>12</b>
<b>2. OBJETIVOS.....</b>	<b>14</b>
2.1 OBJETIVO GERAL .....	14
2.2 OBJETIVOS ESPECÍFIOS .....	14
<b>3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....</b>	<b>15</b>
3.1 <i>Pinus taeda</i> L. ....	15
3.2 MELHORAMENTO GENÉTICO.....	16
3.3 PARÂMETROS GENÉTICOS .....	17
3.3.2 Correlação Genética.....	18
3.3.3 Herdabilidade.....	19
3.3.4 Interação Genótipo x Ambiente .....	20
3.3.4 Estabilidade e Adaptabilidade.....	21
3.4 ANÁLISE VIA REML/BLUP.....	23
<b>4. MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>25</b>
4.1 TESTE DE PROGÊNIES .....	25
4.1.1 Material Genético .....	25
4.1.2 Localização da Área Experimental e Características de Solos e Clima .....	25
4.1.3 Delineamento Experimental do Teste de Progênies .....	26
4.2 ANÁLISE DE DADOS .....	27
4.2.1 Coleta de Dados.....	27
4.2.3 Correlações Genéticas Entre as Variáveis de Crescimento .....	30
4.2.4 Análise da Interação Através da Correlação Genética entre Locais – Modelo 4 .....	31
4.3 SELEÇÃO DE PROGÊNIES .....	32

4.4 ESTIMATIVAS DE GANHOS GENÉTICOS PARA DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO VIA SEXUADA.....	33
4.4.1 Métodos de Seleção de Progênes para Pomar de Sementes por Mudas.....	33
4.4.2 Métodos de Seleção para Pomar Clonal de Sementes.....	35
<b>5. RESULTADOS E DISCUSSÕES.....</b>	<b>37</b>
5.1 CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE AS VARIÁVEIS DE CRESCIMENTO DO TESTE DE PROGÊNES.....	37
5.2 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A VARIÁVEL DE CRESCIMENTO DAP.....	38
5.2.1 Análise por Local.....	38
5.2.2 Análise Conjunta.....	40
5.3 ESTUDO DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE PROGÊNES DE <i>Pinus taeda</i> DE POLINIZAÇÃO ABERTA.....	43
5.4 Estimativa de ganhos genéticos em Pomar de Sementes de Mudas.....	48
5.5 Estimativa de ganhos genéticos em Pomar Clonal de Sementes.....	52
5.6 ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO PARA <i>Pinus taeda</i> L.....	55
<b>6. CONCLUSÕES.....</b>	<b>57</b>
<b>APÊNDICES.....</b>	<b>63</b>

## 1. INTRODUÇÃO

*Pinus* é o segundo gênero das espécies florestais mais plantadas no Brasil e, desempenha um papel fundamental no fornecimento de matéria prima para as indústria de base florestal. Em 2011 a área com florestas plantadas com *Pinus spp.* foi de 1.641.892 hectares, concentrados principalmente na região Sul do país.

O Estado de Santa Catarina, com 538.254 hectares, se encontra no segundo lugar do *ranking* de área plantada com pinus, em função das condições edafoclimáticas e localização das principais unidades industriais dos segmentos de painéis de madeira industrializada e madeira mecanicamente processada (ABRAF, 2012). Em 1998, *P. taeda*, representava em torno 46% da área plantada com espécies do gênero, devido principalmente ao seu rápido crescimento (TOMASELLI, 1998).

Atualmente, os plantios florestais são considerados como unidades estratégicas de negócio para a produção de produtos de alto valor agregado, devido principalmente a maximização da rentabilidade pelo manejo adequado das atividades florestais, conduzido à base de indivíduos com alta produtividade e qualidade. Para atender a esta demanda do setor florestal há a necessidade de desenvolver tecnologias, dentre das quais se destaca o melhoramento genético do *P. taeda*, visando ganhos contínuos de produtividade.

Um dos elementos básicos, relevante para a definição de estratégias de melhoramento florestal, é o conhecimento de distribuição entre e dentro de progênies da variabilidade genética existente em uma população (SEBBENN *et al.*, 1994).

Deste modo, o conhecimento da variabilidade genética para as características de crescimento e a avaliação do método de melhoramento mais eficiente é fundamental para a determinação da estratégia de melhoramento genético a ser empregada para a espécie (COTTERILL, 1986). Zobel e Talbert (2003) também relatam que a variabilidade genética pode ocorrer entre árvores de uma mesma espécie, algumas vezes, entre populações de uma mesma espécie crescendo em uma única localidade e frequentemente entre populações de uma mesma espécie crescendo em diferentes áreas geográficas.

O fenótipo de um indivíduo pode ser definido como uma função linear de genótipo, do ambiente e da interação genótipos e ambientes, resultando que determinados materiais genéticos se adaptam diferentemente em ambientes diferentes. Isto significa que o desempenho de um genótipo em relação ao outro pode variar de acordo com o ambiente (MORI *et al.*, 1988; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Assim, o plantio de genótipos em uma amplitude de ambientes é uma grande oportunidade de conseguir informações sobre a interação genótipos x ambientes e de selecionar árvores, baseando-se em suas respostas às condições ambientais.

Neste contexto, se faz necessário considerar que a seleção de genótipos não deve ser baseada apenas na produtividade, mas também a adaptabilidade e estabilidade dos diferentes materiais genéticos dentro do programa de melhoramento genético.



## 2. OBJETIVOS

### 2.1 OBJETIVO GERAL

Propor estratégias de melhoramento genético visando à produção de madeira serrada para *Pinus taeda*, com base em parâmetros e ganhos genéticos estimados em um teste de progênies plantados em dois locais no estado de Santa Catarina.

### 2.2 OBJETIVOS ESPECÍFIOS

- Estimar os parâmetros genéticos para produção de madeira baseados em um teste de progênies de *P. taeda* de polinização aberta, plantados em dois locais no estado de Santa Catarina;
- Estimar os ganhos genéticos para produção de madeira a serem obtidos pelos métodos de produção de sementes: pomar de sementes por mudas (PSM) e pomar clonal de sementes (PCS);
- Propor uma estratégia de melhoramento genético visando a produção de madeira para as duas regiões do estado de Santa Catarina.



1960, quando os primeiros testes de progênies foram instalados pelas empresas do setor privado com o apoio das instituições públicas (FERREIRA, 2003).

### 3.2 MELHORAMENTO GENÉTICO

O melhoramento genético é a aplicação de técnicas de seleção e recombinação, com vistas ao aumento da frequência dos alelos favoráveis das características de interesse em uma população (PIRES *et al.*, 2011) que possam resultar no aumento da produtividade, adequação da matéria prima ao produto final, melhorias nas condições adaptativas, tais como resistência a pragas e doenças, e principalmente a manutenção da variabilidade genética (PIGATO; LOPES, 2001).

Os principais obstáculos na prática do melhoramento genético de espécies florestais são o tempo necessário para completar um ciclo de seleção e recombinação de indivíduos para características quantitativas e que se expressam somente em idades mais avançadas (QUOIRIN; VIEIRA, 1995).

O estabelecimento de estratégias eficientes de melhoramento depende essencialmente do prévio conhecimento dos mecanismos genéticos responsáveis pela herança do caráter que se deseja melhorar (RESENDE, 2002).

As principais características avaliadas em programas de melhoramento de *P. taeda* são relacionadas à produtividade e à qualidade da madeira, de acordo com o objetivo da produção. A avaliação das variáveis diâmetro e altura vem sendo utilizada em testes genéticos para prever produtividade e estimar os parâmetros e ganhos com seleção. O desempenho dos materiais genéticos em diferentes locais permite avaliar a interação genótipos x ambientes e obter informações sobre adaptabilidade (DEMERITT; GARRET, 1996).

Um ponto de fundamental importância a se considerar no desenvolvimento de programas de melhoramento genético para determinada finalidade é o conhecimento da existência da variabilidade nas características de interesse e o grau de controle genético das mesmas. Essa variabilidade deve ser suficiente para possibilitar a seleção e ganho genético (PIRES *et al.*, 2011).

Programas de melhoramento florestal, em geral, seguem os seguintes passos: seleção da espécie, teste de procedências da espécie de maior potencial,

teste de progênies das melhores procedências e hibridação ou seleção em teste de progênies. Uma das etapas fundamentais em programas de melhoramento genético florestal é a análise dos testes de progênies que permitem quantificar a herança de caracteres quantitativos de valor econômico, bem como estimar ganhos genéticos esperados pela seleção (VENCOVSKY, BARRIGA, 1992).

Para Higa *et al.* (1997), a restrição da base genética é um fator limitante para os programas de melhoramento, e por isso, a escolha adequada do número de genitores deve ser um fator importante a avaliar, impedindo o comprometimento futuro do programa.

Os testes de progênies são utilizados comumente para se estimar valores genéticos de matrizes e a classificação de matrizes pelas “performances” das suas progênies (ROUTSALAINEN; LINDGREEN, 1998). Os testes de progênies que envolvem famílias de polinização livre são amplamente utilizados, dado o seu baixo custo e o grande número de informações recebidas, assim como pela possibilidade de serem transformados em pomares de sementes por mudas (KITZMILLER, 1983), e representam um dos mais vantajosos mecanismos para o melhoramento florestal (KAGEYAMA, 1980).

Pelo teste de progênies, é possível saber se a superioridade fenotípica de certos indivíduos superiores é devido à sua constituição genética superior, ou se é devido a uma condição ambiental favorável (ASSIS, 1996). Assim, a determinação do nível da variação genética e da sua distribuição, entre e dentro das populações de espécies florestais, tem importância tanto para o direcionamento das estratégias de melhoramento a serem adotadas, maximizando os ganhos genéticos através dos ciclos de seleção, quanto para o manejo de populações naturais usando a conservação genética (DIAS; KAGEYAMA, 1991).

### 3.3 PARÂMETROS GENÉTICOS

#### 3.3.1 Variância Fenotípica

A idéia básica no estudo da variação é o seu parcelamento em componentes atribuídos a diferentes causas. A magnitude relativa destes componentes determina

as propriedades genéticas da população, e, especialmente, o grau de semelhança entre parentais (FALCONER, 1987).

A quantidade de variação é medida e expressa como variância e, quando os valores forem expressos como desvios da média da população, a variância será simplesmente as médias dos quadrados dos valores (FALCONER, 1987).

A expressão genotípica de um indivíduo resulta da soma dos efeitos genéticos aditivos, de dominância e epistáticos, dos quais, segundo Venconvsky (1987), o parâmetro mais importante a considerar é o que corresponde à variância genética aditiva ( $\sigma^2_A$ ), pois ela contribui plenamente para a resposta à seleção.

A variância fenotípica pode ser decomposta em três componentes principais, sendo eles a variação produzida pelo ambiente, variação devido às diferenças na hereditariedade e variação devido aos efeitos conjugados do meio e da hereditariedade (VENCOVSKY; BARRIGA 1992).

### 3.3.2 Correlação Genética

O parâmetro correlação genética entre variáveis denota o grau de associação genética entre as variáveis, por quantificar as influências que determinadas variáveis exercem sobre outras variáveis. Este parâmetro é muito importante em melhoramento genético, pois significa que, com correlação genética alta, a alteração em uma variável, via seleção, promove alterações significativas em outras variáveis correlacionadas a ela (PIRES *et al.*, 2011).

Em estudos genéticos, é necessário distinguir duas causas de correlação entre características: a genética e a de ambiente. A causa de correlação genética é, principalmente, devido ao pleiotropismo, embora ligações gênicas sejam uma causa de correlação transitória, especialmente, em populações originadas de cruzamentos entre linhagens divergentes. Alguns genes podem aumentar ambas as características, enquanto outros aumentam uma e reduzem a outra, sendo que os primeiros tendem a causar uma correlação positiva e os últimos uma correlação negativa. Assim, o pleiotropismo não causa, necessariamente, uma correlação que se possa detectar. O ambiente é uma causa de correlação, pela qual duas características são influenciadas pelas mesmas diferenças de condições de ambientes (FALCONER, 1987).

### 3.3.3 Herdabilidade

A proposição de estratégias eficientes de melhoramento depende, fundamentalmente, do conhecimento do controle genético dos caracteres a serem melhorados. A herdabilidade diz respeito à proporção relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica dos caracteres, indicando o grau de facilidade ou dificuldade para melhorar determinados caracteres (PIRES *et al.*, 2011). Assim, a herdabilidade expressa a proporção da variância total que é atribuída ao efeito médio dos genes, e este é que determina o grau de semelhança entre parentes (FALCONER, 1987).

Além dessa função a herdabilidade possui um papel preditivo expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético. Somente o valor fenotípico do indivíduo pode ser diretamente medido, mas é o valor genético que determina sua influência na próxima geração. Portanto, se o melhorista escolhe os indivíduos para serem pais, de acordo com os seus valores fenotípicos, seu sucesso na alteração das características da população pode ser predito somente por intermédio do conhecimento do grau de correspondência entre valor fenotípico e valor genético. Este grau de correspondência é medido pela herdabilidade (FALCONER, 1987).

As herdabilidades podem ser usadas para estimar a resposta à seleção baseada em indivíduos ou em famílias. Elas também fornecem bases para decidir em quais características devem ser investidos os esforços em seleção e para escolher o melhor método de seleção (COTTERIL; ZED, 1980).

O coeficiente de herdabilidade varia de 0 a 1, sendo que características com alto valor de herdabilidade tem alto controle genético, enquanto as características de baixa herdabilidade são ditas altamente influenciadas pelo ambiente (PIRES *et al.*, 2011). Para a maioria das espécies florestais, estimativas de herdabilidade no sentido restrito para as características de crescimento variam de 0,10 a 0,25 (FERREIRA; HODGE, 2002).

Em relação ao gênero *Pinus*, estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito ( $h^2$ ), obtidas por diversos autores, para as características de crescimento, são apresentadas na Tabela 1. Essas estimativas preveem as várias respostas à seleção em diferentes situações e ambientes e demonstram uma variação de magnitudes. Quando é obtido um alto valor de herdabilidade para um

caráter, há uma indicação de que o controle genético é alto, isto é, o efeito genético representa a maior parte da variação fenotípica em relação ao efeito ambiental. Isso significa que existe uma grande possibilidade de obtenção de ganho genético com a seleção (VENCOVSKY, 1978).

TABELA 1 - HERDABILIDADES ASSOCIADAS AOS CARACTERES DE CRESCIMENTO EM DIFERENTES ESPÉCIES DE PINUS

CARACTERÍSTICA	ESPÉCIE	IDADE (ANOS)	h <sup>2</sup>	REFERÊNCIA
Altura	<i>P. taeda</i>	25	0,18	Balocchi <i>et al.</i> (1993)
Altura	<i>P. taeda</i>	1	0,11	Paul <i>et al.</i> (1997)
Altura	<i>P. taeda</i>	2	0,26	Paul <i>et al.</i> (1997)
Altura	<i>P. taeda</i>	3	0,29	Paul <i>et al.</i> (1997)
Altura	<i>P. taeda</i>	4	0,37	Paul <i>et al.</i> (1997)
Altura	<i>P. taeda</i>	5	0,26	Paul <i>et al.</i> (1997)
Altura	<i>P. palustris</i>	5	0,18	Zobel <i>et al.</i> (1984)
Altura	<i>P. palustris</i>	7	0,12	Zobel <i>et al.</i> (1984)
Altura	<i>P. patula</i>	5	0,10	Nyoka <i>et al.</i> (1994)
Altura	<i>P. patula</i>	8	0,03	Nyoka <i>et al.</i> (1994)
DAP	<i>P. caribaea</i>	8	0,48	Cotterill <i>et al.</i> (1990)
DAP	<i>P. taeda</i>	5	0,14	Paul <i>et al.</i> (1997)
DAP	<i>P. patula</i>	5	0,11	Nyoka <i>et al.</i> (1994)
Volume	<i>P. taeda</i>	5	0,14	Paul <i>et al.</i> (1997)
Volume	<i>P. patula</i>	8	0,13	Nyoka <i>et al.</i> (1994)
Volume	<i>P. caribaea</i>	5	0,18	Resende <i>et al.</i> (1995)
Volume	<i>P. caribaea</i>	5	0,3	Sampaio <i>et al.</i> (2000)

FONTE: FIER (2001), RESENDE (2002)

### 3.3.4 Interação Genótipo x Ambiente

A resposta diferenciada dos genótipos aos vários ambientes, conhecida como interação genótipo x ambiente – GA (EBERHART; RUSSEL, 1966), é um fenômeno natural que faz parte da evolução das espécies. Segundo Vencovsky e Barriga (1992), a interação genótipo x ambiente é de natureza genética, mas não no sentido visual, e sim da decorrência de instabilidades das manifestações genotípicas entre ambientes. O comportamento dos genótipos em relação ao ambiente tem merecido especial atenção, devido a sua interferência nos processos de seleção. Por esta

razão, torna-se importante o conhecimento dessas interações, principalmente a sua aplicação nos estudos de estabilidade fenotípica das espécies.

A possibilidade de avaliar um teste de progênes instalados em vários locais reduz o efeito da interação genótipo x ambiente no resultado da seleção, o que permite a utilização mais ampla do material selecionado (BUENO *et al.*, 2001).

A interação genótipo x ambiente afeta a estratégia dos programas de melhoramento florestal, produzindo perdas que podem consistir na morte das árvores e/ou na redução do crescimento, além de induzir sérios efeitos na qualidade da madeira (ZOBEL; TALBERT, 1984).

Namkoong *et al.* (1980) ressaltam a importância dos efeitos oriundos da interação do genótipo x ambiente na definição de estratégias em programas de melhoramento. Isso porque a interação genótipo x ambiente torna possível a seleção de genótipos com adaptação ampla ou específica, a escolha de locais de seleção e a determinação do número ideal de ambientes e de genótipos a serem avaliados (zonas de melhoramento) durante a seleção (FOX *et al.*, 1997).

Dessa maneira, a existência da interação genótipo x ambiente constitui-se num dos fatores mais importantes nos programas de melhoramento de qualquer espécie, seja na fase de seleção ou recomendação de cultivares. Entre as alternativas para se amenizar a influência dessa interação, tem sido recomendado o emprego de cultivares com ampla adaptabilidade e boa estabilidade (RESENDE, 2007; ROSADO *et al.*, 2012).

É importante ainda enfatizar que nem sempre a presença de interação genótipo x ambiente implica em diferenças na adaptabilidade dos materiais genéticos. Assim, por exemplo, pode acontecer de se detectar interação devido ao fato dos dados não se ajustarem ao modelo matemático adotado na sua análise (CHAVES *et al.*, 1989).

### 3.3.4 Estabilidade e Adaptabilidade

Estudos dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica dos genótipos têm sido de grande contribuição no melhoramento genético de plantas, pois fornecem informações sobre o comportamento de cada genótipo em várias condições ambientais (CRUZ *et al.*, 2004; BASTOS *et al.*, 2007).



Adaptabilidade do material genético é a capacidade de o indivíduo sobreviver, crescer e se reproduzir nas condições ambientais do local de introdução. A estabilidade por outro lado, é a capacidade de um genótipo exibir um desempenho o mais estável possível, em função de variações na qualidade ambiental. A eficiência de adaptação das espécies depende de uma série de influências bióticas e de interações edafoclimáticas (LÓPEZ; FORNÉS, 1997). Embora sejam fenômenos relacionados, adaptação e estabilidade não devem ser considerados como um único fenômeno (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

De acordo com Vendruscolo (1997), as metodologias de análise da estabilidade e adaptabilidade dos genótipos também são ferramentas úteis na verificação dos efeitos da interação genótipos por ambientes no desempenho fenotípico dos genótipos. A autora afirma que estas metodologias são úteis quando se deseja minimizar o risco de cometer erros na seleção de genótipos na presença de efeito significativo da interação genótipo por ambiente, tendo assim maior previsibilidade de comportamento dos genótipos frente às variações ambientais.

Metodologias estatísticas de fácil interpretação e com seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade têm sido desenvolvidas buscando-se a seleção de genótipos com elevados rendimentos em diferentes ambientes de plantio (CRUZ *et al.*, 2004; BASTOS *et al.*, 2007).

Para Carbonell *et al.* (2007), a seleção simultânea para produção, estabilidade e adaptabilidade, no contexto de modelos mistos, pode ser realizada pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG), o qual classifica os efeitos dos genótipos como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica.

O valor fenotípico de um indivíduo, quando avaliado em um ambiente, é a implicação da ação do efeito genotípico sob a influência do meio ao qual é submetido. No entanto, ao avaliar o mesmo indivíduo em vários ambientes, surge um componente adicional que influencia o seu valor fenotípico, que é denominado interação entre os efeitos genotípicos e os ambientais. Essa interação quantifica o comportamento diferenciado dos genótipos diante das variações ambientais (CRUZ, CARNEIRO, 2003).

O ordenamento de genótipos simultaneamente por seus valores genéticos e estabilidade, pode ser realizado utilizando o BLUP para estimar as médias harmônicas dos valores genotípicos (MHVG). Quanto menor o desvio padrão do

comportamento genotípico nos locais, maior será o valor da MHVG, assim a seleção pelos maiores valores da MHVG implica na seleção para produtividade e estabilidade, simultaneamente. A adaptabilidade por sua vez, pode ser mensurada pela performance relativa dos valores genotípicos (PRVG), onde os valores genotípicos preditos são expressos como proporção da média geral de cada local, obtendo-se posteriormente o valor médio desta proporção através dos locais (RESENDE, 2007).

Segundo Sturion e Resende (2005), um método, proposto por Resende (2004), permite realizar a seleção para os três atributos mencionados de forma simultânea, além de apresentar outras vantagens, como: considerar os efeitos genotípicos como aleatórios; permitir lidar com heterogeneidade de variâncias; permitir lidar com dados não balanceados; permitir lidar com delineamentos não ortogonais; considerar os erros correlacionados dentro de locais; fornecer valores genéticos já descontados da instabilidade; e gerar resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado.

### 3.4 ANÁLISE VIA REML/BLUP

No melhoramento de espécies arbóreas o uso de técnicas de avaliação genética, com base em modelos mistos do tipo REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada) é fundamental para a predição de valores genéticos aditivos e genotípicos de indivíduos com potencial para seleção, tanto em nível intrapopulacional como interpopulacional (RESENDE; DIAS, 2000).

Assim o procedimento REML/BLUP vem sendo aplicado com sucesso no melhoramento de espécies perenes no Brasil, principalmente para espécies do gênero *Eucalyptus* (RESENDE; BERTOLUCCI, 1993) e *Pinus* (RESENDE *et al.*, 1996).

Um fato importante na definição de estratégias de melhoramento genético é a predição dos valores genéticos dos vários candidatos à seleção, que necessita de componentes de variância conhecidos ou estimados com precisão. O procedimento ótimo de predição de valores genéticos é o BLUP e o procedimento ótimo de predição de componentes de variância é o REML. Estes procedimentos são

associados a um modelo linear misto, isto é, modelo que contém efeitos fixos além da média geral e efeitos aleatórios além do erro. Assim são modelos mistos: a) modelos com efeitos aleatórios de tratamento e efeitos fixos de ambiente; b) modelos com efeitos fixos de tratamentos e efeitos aleatórios de ambiente (RESENDE, 2004).

Para o caso de dados balanceados, o procedimento REML/BLUP individual foi relatado por Resende e Higa (1994), através do índice multiefeitos, incluindo todos os efeitos aleatórios do modelo estatístico, usando componentes de variância estimados via análise de variância. Este procedimento foi incorporado ao software SELEGEN (RESENDE *et al.*, 1994).

É importante relatar que, para o caso balanceado, o procedimento BLUP individual é equivalente ao método do índice multiefeitos e os métodos REML e análise de variância produzem estimativas idênticas para os componentes de variância. Para o caso de dados desbalanceados, o procedimento REML/BLUP individual associado a 50 modelos foi incorporado ao software SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2002).

Em trabalhos com espécies perenes (MARTINEZ *et al.*, 2012; MAIA *et al.*, 2009; VERARDI *et al.*, 2009) revelaram que a metodologia MHPRVG é vantajosa por ponderar a informação por progênie e indivíduo, propiciar uma seleção otimizada dos indivíduos levando em conta a adaptabilidade, estabilidade e produtividade das progênies.

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1 TESTE DE PROGÊNIES

#### 4.1.1 Material Genético

O teste de progênies foi instalado com 115 progênies de polinização aberta de *P. taeda*, originadas de sementes de um pomar clonal de sementes de primeira geração (PCS) de propriedade da empresa Modo Battistella Reflorestamento S.A. – MOBASA. A origem do material genético do PCS é Geórgia (USA).

#### 4.1.2 Localização da Área Experimental e Características de Solos e Clima

O teste de progênies foi instalado em fevereiro de 1997, nos municípios de Lages - SC e Rio Negrinho – SC, em áreas com distintas características edafoclimáticas (Figura 2).

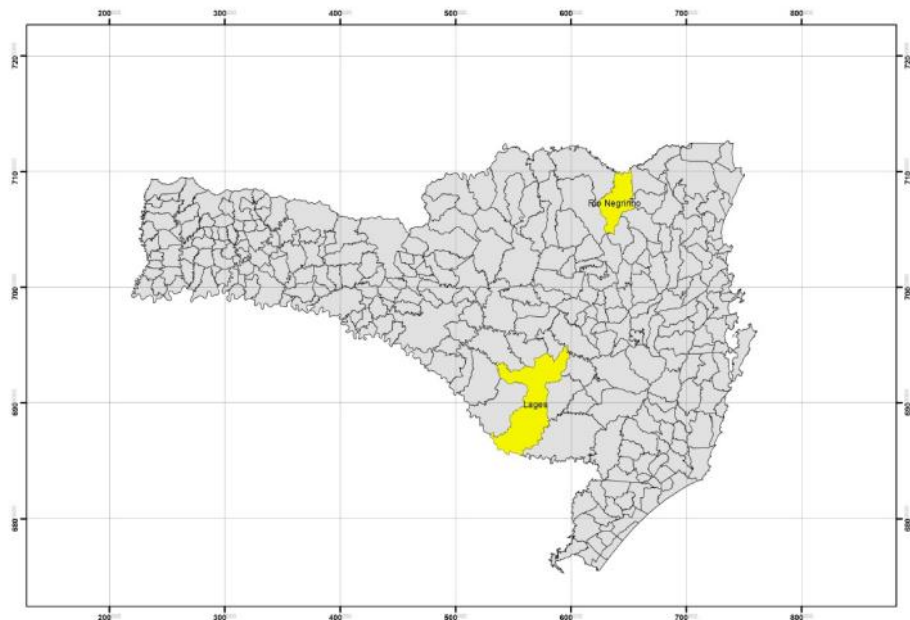


FIGURA 2 - MUNICÍPIOS DE INSTALAÇÃO DO TESTE DE PROGÊNIES DE *Pinus taeda*, NO ESTADO DE SANTA CATARINA  
FONTE: ADAPTADO DO MAPA POLÍTICO DE SANTA CATARINA

A localização geográfica e altitude dos dois locais de instalação do teste de progênies de *P. taeda* no estado de Santa Catarina estão apresentadas na Tabela 2.

TABELA 2 - LOCALIZAÇÃO GEOGRÁFICA E ALTITUDE DOS MUNICÍPIOS ONDE FORAM INSTALADOS O TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* L.

LOCAL	Latitude (°S)	Longitude (°O)	Altitude (m)	Tipo de Solo
Lages	27°81'	50° 32'	916	Latosolo húmico bruno distrófico
Rio Negrinho	26°51'	49° 51'	792	Cambissolo húmico aluminico típico

FONTE: A AUTORA (2013)

O clima para as duas regiões, Lages e Rio Negrinho são classificados segundo Koppen como Cfb, mesotérmico úmido com verão ameno (EPAGRI, 2012). Na Tabela 3 são apresentados os dados das médias históricas de temperatura média, máxima absoluta e mínima absoluta; precipitação total e umidade relativa do ar média.

TABELA 3 - DADOS DE TEMPERATURAS, PRECIPITAÇÃO, UMIDADE, DAS ÁREAS DE ESTUDO

LOCAL	Temperaturas (°C)			Precipitação Total (mm)	Umidade Relativa Média (%)
	Média da Mínima	Média da Máxima	Média Geral		
Lages	7,4	25,4	14,3	1.500	80
Rio Negrinho	10,4	25,7	15,5	1.720	86

FONTE: EPAGRI (2012)

#### 4.1.3 Delineamento Experimental do Teste de Progênies

O teste foi estabelecido no delineamento experimental blocos casualizados, com 115 tratamentos, 5 repetições, e parcelas lineares de 5 plantas, no espaçamento 2,5 m x 2,5 m, com bordadura externa tripla, em dois locais no estado de Santa Catarina, Lages e Rio Negrinho.

## 4.2 ANÁLISE DE DADOS

### 4.2.1 Coleta de Dados

Em março de 2012, quando as árvores estavam com 15 anos de idade, foram realizadas avaliações de crescimento em diâmetro a altura do peito – DAP (1,3 m) e altura total.

A altura total foi medida com Vertéx®, em metros; a medição do diâmetro foi feita com uma suta eletrônica, em centímetros. Com esses dados foi determinado o volume das árvores com casca usando a seguinte expressão:

$$Volume_{cc} = \frac{\pi (DAP)^2 \times Altura}{40.000} \times ff$$

Em que:

Volume<sub>cc</sub> = volume da árvore com casca em metro cúbico;

DAP = diâmetro a altura do peito (1,30 m do solo) em centímetros;

Altura = altura total da árvore em metro, e;

ff = 0,46 (fator de forma da árvore).

### 4.2.2 Determinação dos Parâmetros Genéticos para as Variáveis de Crescimento - Modelo 1

A análise dos dados foi realizada utilizando o software para análise genética SELEGEN ® (Resende, 2002), que estima os parâmetros genéticos utilizando o método linear não viciado (*Best Linear Unbiased Prediction* ou BLUP) e o de máxima verossimilhança restrita (*Restricted maximum Likelihood* ou REML). Na avaliação de progênies de meios irmãos, no delineamento blocos ao acaso e com várias plantas por parcela, foi utilizado o seguinte modelo linear misto:

$$y = Xr + Za + Wp + e;$$

em que:

$y$  = vetor de dados;

$r$  = vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

$a$  = vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);

$p$  = vetor dos efeitos de parcela;

$e$  = vetor de erros ou resíduos (aleatórios);

$X, Z, W$  = matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A distribuição e estruturas de médias e variâncias foi baseada em:

$$\frac{y}{b}, V \sim N(Xb, V)$$

$$/A, \sigma^2 \sim N(0, A\sigma^2\alpha)$$

$$\frac{c}{\sigma^2 e} \sim N(0, I\sigma^2\alpha)$$

$$\frac{e}{\sigma^2 e} \sim N(0, I\sigma^2\alpha)$$

$$\text{Cov}(a, c') = 0; \text{Cov}(a, e') = \text{Cov}(c, e') = 0$$

Ou seja:

$$E \begin{bmatrix} y \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ e } \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WC & R \\ GZ' & G & 0 & 0 \\ CW' & 0 & C & 0 \\ R & 0 & 0 & R \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$G = A\sigma^2\alpha$$

$$R = I\sigma^2_c$$

$$C = I\sigma^2_e$$

$$V = ZA\hat{\sigma}_a^2 Z' + WI\hat{\sigma}_c^2 W' + I\hat{\sigma}_e^2 = ZGZ' + WCW' + R.$$

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{1-h^2-c^2}{h^2}; \quad \lambda_2 = \frac{1-h^2-c^2}{c^2}$$

A = matrizes de parentesco genético aditivo;

I = matriz de identidade de ordem apropriada aos dados.

A herdabilidade individual no sentido restrito do bloco foi estimada baseada em:

$$h^2_a = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_f^2}, \text{ onde:}$$

$$c^2 = \frac{\hat{\sigma}_c^2}{(\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2)} : \text{ correlação devida ao ambiente comum da parcela;}$$

$\hat{\sigma}_a^2$  : variância genética aditiva;

$\hat{\sigma}_c^2$  : variância entre parcela;

$\hat{\sigma}_e^2$  : variância ambiental;

Para se determinar a variância de progênies ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) se admitiu que as progênies são de polinização aberta, assim:

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{1}{4}\sigma_a^2$$

O coeficiente de variação dentro de progênies ( $CV_d$ ), coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ), coeficientes de variação experimental ( $CV_e$ ), coeficiente de variação relativo ( $CV_r$ ) foram estimados a partir das seguintes expressões:



$$CV_d = \frac{\hat{\sigma}_d^2}{\bar{X}} \times 100;$$

$$CV_g = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\bar{X}} \times 100;$$

$$CV_e = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\bar{X}} \times 100;$$

$$CV_r = \frac{CV_g}{CV_e}.$$

Em que:

$\hat{\sigma}_d$  = desvio padrão dentro de parcelas, que é igual a  $\sqrt{\hat{\sigma}_d^2}$ ;

$\hat{\sigma}_g$  = desvio padrão entre progênies, que é igual a  $\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}$ ;

$\hat{\sigma}_e$  = desvio padrão entre blocos, que é igual a  $\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}$ .

Para calcular as herdabilidades individuais no sentido restrito e amplo do bloco foi estimado os desvios padrões conforme indicado por Falconer (1987):

$$\bar{S}(\hat{h}_\alpha^2) = \sqrt{\frac{32h^2}{nbp}}, \text{ em que:}$$

$nbp$  = número total de árvores avaliadas por característica no teste de progênies.

#### 4.2.3 Correlações Genéticas Entre as Variáveis de Crescimento

Foram aferidas as correlações genéticas entre o volume com casca e o DAP e entre o volume com casca e a altura total para os dois locais de instalação do teste (rgloc) para determinar qual a variável mensurável (DAP ou altura total) teria a maior correlação genética com o volume com casca. Para a análise foi empregado o modelo 4 do programa SELEGEN REML/BLUP.

As análises de correlações genéticas, realizada para caracteres de crescimento (DAP, altura total e volume com casca), foram baseadas na seguinte expressão:

$$r_{a(x,y)} = \frac{COV_{a(x,y)}}{\sigma_{ax} \sigma_{ay}},$$

Em que:

$r_{a(x,y)}$  : correlação genética aditiva entre caracteres x e y;

$COV_{a(x,y)}$  : covariância genética aditiva entre os caracteres x e y;

$\sigma_{ax}$  : desvio padrão genético aditivo para o caráter x, e;

$\sigma_{ay}$  : desvio padrão genético aditivo para o caráter y.

#### 4.2.4 Análise da Interação Através da Correlação Genética entre Locais – Modelo 4

A avaliação das progênies de polinização aberta foi feita em função da importância e vantagens que propiciam à predição de ganhos genéticos. As simulações da seleção para produtividade, considerando também a estabilidade e adaptabilidade dos indivíduos candidatos à seleção e suas combinações, foram empregadas para a variável DAP, considerando uma zona de melhoramento, e utilizando o seguinte modelo linear misto:

$$y = Xr + Za + Wp + Ti + e;$$

em que:

y = vetor de dados;

r = vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

a = é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);

p = vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios);

i = vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios);

$e$  = vetor de erros ou resíduos (aleatórios);

$X, Z, W, T$  = matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Em que:

$r_{gloc} = \frac{\dagger_c^2}{\dagger_g^2 + \dagger_{ge}^2} = \frac{h_g^2}{h_g^2 + c_{ge}^2}$ : correlação genotípica dos materiais genéticos através dos ambientes.

O vetor  $r$  considera todas as repetições de todos os locais e o vetor  $p$  considera todas as parcelas de todos os locais.

#### 4.3 SELEÇÃO DE PROGÊNIES

A seleção de progênies considerando simultaneamente a produtividade, estabilidade e adaptabilidade, foi realizada pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) preditos no BLUP.

A MHPRVG é aplicada preferencialmente sobre os dados originais, expressando-os com ML/y e posteriormente obtendo-se os BLUPs para os valores genotípicos (média geral + efeitos genotípicos) conforme recomenda Resende (2002).

As simulação da seleção das progênies, considerando estabilidade e adaptabilidade, foram empregadas para a variável DAP, considerando uma zona de melhoramento, e utilizando o seguinte modelo linear misto:

$$y = Xr + Zg + Wp + Ti + e;$$

em que:

$y$  = vetor de dados;

$r$  = vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

$g$  = vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

$p$  = vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios);

$i$  = vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios);  
 $e$  = vetor de erros ou resíduos (aleatórios);  
 $X, Z, W, T$  = matrizes de incidência para os referidos efeitos.

#### 4.4 ESTIMATIVAS DE GANHOS GENÉTICOS PARA DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO VIA SEXUADA

Para as estratégia de melhoramento via sexuada foram utilizados os valores genéticos aditivos (RESENDE, 2002). Estimativas de ganhos para Pomares de Sementes por Muda (PSM's) foram baseada na seleção de 50% entre progênies e 20% dentro de parcelas. Estimativas de ganhos genéticos para Pomares Clonais de Sementes (PCS) foram baseadas na seleção do melhor indivíduo das 30 melhores progênies para cada local.

Para determinar o tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) das progênies, foi utilizada a expressão:

$$N_e = \frac{4N_f K_f}{K_f + 3}, \text{ em que:}$$

$N_e$  = Tamanho efetivo populacional;

$N_f$  = Número de famílias selecionadas; e

$K_f$  = número de indivíduos selecionados por família.

##### 4.4.1 Métodos de Seleção de Progênies para Pomar de Sementes por Muda

Para a estratégia de Pomar de Sementes por Muda foram realizadas simulações de seleção de progênies sob diferentes métodos, sendo eles:

Método 1 - seleção entre e dentro de progênies, onde foram selecionadas as 58 melhores progênies e o melhor indivíduo de cada parcela para Lages e Rio Negrinho, com base na média do valor genético aditivo da variável DAP por local;

Método 2 - seleção entre e dentro de progênies para Lages e Rio Negrinho, onde foram selecionadas as 58 melhores progênies e o melhor indivíduo de cada parcela, pela análise conjunta das progênies;

Método 3 - Seleção das 58 melhores progênies para produtividade, estabilidade e adaptabilidade baseada na média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG) e o melhor indivíduo de cada parcela para Lages e Rio Negrinho, com base na média do valor genético aditivo da variável DAP.

Os ganhos genéticos foram determinados para cada local, utilizando os seguintes cálculos:

$$GS = \hat{h}_{Mp}^2 \times DS, \text{ em que:}$$

$GS$  = ganho genético;

$\hat{h}_{Mp}^2$  = herdabilidade da média de progênies;

$\hat{h}_a^2$  = herdabilidade dentro de progênies, e;

$DS$  = diferencial de seleção.

O diferencial de seleção foi calculado pela seguinte expressão:

$$DS = \bar{X}_s - \bar{X}_0, \text{ onde:}$$

$\bar{X}_s$  = média das progênies selecionadas;

$\bar{X}_0$  = média da população original.

O ganho de seleção em porcentagem foi calculado pela seguinte expressão:

$$GS (\%) = \frac{GS \times 100}{\text{média}}, \text{ em que:}$$

$GS$  (%) = percentual de ganho genético;

$GS$  = Ganho de seleção;

$\bar{X}_0$  = média geral da população original.

#### 4.4.2 Métodos de Seleção para Pomar Clonal de Sementes

Para a estratégia de Pomar Clonal de Sementes foram realizadas simulações de seleção de indivíduos sob diferentes métodos, sendo eles:

Método 1 - seleção dentro de progênies para Lages e Rio Negrinho, onde foram selecionadas as 30 melhores progênies e o melhor indivíduo de cada uma, com base no valor genético aditivo da variável DAP por local;

Método 2 - seleção dentro de progênies para Lages e Rio Negrinho, onde foram selecionadas as 30 melhores progênies e o melhor indivíduo de cada uma, considerando análise conjunta das progênies;

Método 3 - Seleção das 30 melhores progênies para produtividade, estabilidade e adaptabilidade baseada na média harmônica na performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG) e o melhor indivíduo de cada uma para Lages e Rio Negrinho, com base na média do valor genético aditivo da variável DAP, por local.

Os ganhos genéticos foram determinados para cada local, utilizando os seguintes cálculos:

$GS = (\hat{h}^2_{\alpha} \times DS)$ , em que:

$GS$  = ganho genético;

$\hat{h}^2_{\alpha} \hat{h}^2_{Mp}$  = herdabilidade aditiva individual;

$DS$  = diferencial de seleção.

O diferencial de seleção foi calculado pela seguinte expressão:

$$DS = \bar{X}_s - \bar{X}_0, \text{ onde:}$$

$\bar{X}_s$  = média das progênies selecionadas;

$\bar{X}_0$  = média da população original.

O ganho de seleção em percentagem foi calculado pela seguinte expressão:

$$GS (\%) = \frac{GS \times 100}{\text{média}}, \text{ em que:}$$

$GS (\%)$  = percentual de ganho genético;

$GS$  = Ganho de seleção;

$\bar{X}_0$  = média geral da população original.

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÕES

### 5.1 CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE AS VARIÁVEIS DE CRESCIMENTO DO TESTE DE PROGÊNIES

As estimativas das correlações genéticas entre DAP e altura (Tabela 4) demonstraram associações positivas e consideravelmente altas, o que é favorável à seleção indireta entre as variáveis, ou seja, a seleção em uma variável vai impreterivelmente levar ao melhoramento indireto da outra.

TABELA 4 - ESTIMATIVAS DOS COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO GENÉTICA ADITIVA EM NÍVEL DE PLANTAS DAS CARACTERÍSTICAS VOLUMECC X DAP E VOLUMECC X ALTURA, NOS DOIS DIFERENTES LOCAIS DE INSTALAÇÃO DO TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* L.

LOCAL	Correlação Genética	
	DAP x Volume	Altura x Volume
Lages	0,9832	0,8582
Rio Negrinho – Volume	0,9754	0,7958

FONTE: A AUTORA (2013)

A alta associação genética entre DAP e altura em relação ao volume era esperada, uma vez que o volume é calculado diretamente destas duas variáveis e, por conseguinte, é diretamente dependente destas.

As correlações altas e positivas entre os caracteres de crescimento para as espécies florestais são citadas por diversos autores como Sturion (1993), Sampaio (1996) e Kageyama (1980). Coeficientes de correlação genética para características DAP e altura em relação ao volume, foram analisados por Sebbenn *et al.* (2008) para progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis*, que encontrou resultados próximos aos apresentados acima, sendo 0,98 para a variável DAP em relação ao volume e 0,89 para altura em relação a volume.

As altas correlações genéticas entre estas variáveis segundo Sebbenn *et al.* (2008) podem ser explicadas pela pleiotropia e pela ligação entre locos que controlam as variáveis. Pleiotropia é o fenômeno em que diferentes caracteres são controlados pelos mesmos genes, de forma que a expressão gênica ocorra



simultaneamente sobre mais de um caráter, conferindo algum tipo de associação entre eles (SEBBENN *et al.*, 2008).

Considerando que o DAP é uma variável de fácil mensuração e sujeita a menores erros do que a altura total de plantas, o DAP deve ser a variável utilizada para a seleção direta e a altura e o volume podem ser melhorados pela seleção indireta, ou seja, pela seleção no DAP.

Este tipo de correlação apresenta vantagens, uma vez em que o sentido da seleção é o mesmo para as duas características (HIGA, 1998).

## 5.2 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A VARIÁVEL DE CRESCIMENTO DAP

### 5.2.1 Análise por Local

Os coeficientes de variação experimental para Lages e Rio Negrinho foram respectivamente 9,32% e 10,20%, indicando uma boa precisão experimental na análise da variável DAP. Os parâmetros genéticos, os componentes de variância e os coeficientes de variação das progênies do teste de progênies de *P. taeda*, determinados para esta variável em cada local, estão apresentados na Tabela 5. As diferenças geoclimáticas entre os locais de plantios do teste de progênies (Tabela 3) afetaram as relações ecofisiológicas da espécie que refletiram no crescimento. As progênies plantadas em Lages cresceram 17% mais (média geral do DAP de 25,27 cm), o que significa que o ambiente proporcionou melhores condições para expressão do potencial genético das progênies em relação a Rio Negrinho (média geral do DAP de 21,64 cm).

TABELA 5 - PARÂMETROS GENÉTICOS DA VARIÁVEL DAP DO TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* L. NOS DOIS LOCAIS DE PLANTIO

PARÂMETRO	LOCAL	
	Lages	Rio Negrinho
Variância genética aditiva individual	4,728	2,787
Variância entre parcelas	0,124	0,082
Variância residual	23,565	21,854
Variância fenotípica	28,418	24,724
Herdabilidade aditiva individual	0,166 ± 0,046	0,112 ± 0,040
Herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela	0,167	0,113
Coefficiente de determinação de parcela	0,004	0,003
Herdabilidade da média de progênies	0,515	0,416
Acurácia na seleção de progênies	0,718	0,645
Herdabilidade dentro de progênie	0,130	0,087
Coefficiente de variação genética aditiva individual	8,602	7,716
Coefficiente de variação genotípica de progênies	4,301	3,858
Coefficiente de variação experimental	9,317	10,201
Coefficiente de variação relativa	0,378	0,461
Variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie	0,572	0,406
Desvio padrão do valor genotípico predito de progênie	0,756	0,637
Média geral	25,276	21,634

FONTE: A AUTORA (2013)

Os valores de variância genética aditiva individual, variância entre parcelas, variância fenotípica, a variância residual e coeficiente de variação genética aditiva individual para Lages foram, também, maiores que em relação a Rio Negrinho. Isto refletiu nos valores estimados da herdabilidade individual no sentido restrito (0,167 para Lages e 0,113 para Rio Negrinho), ajustada para os efeitos de parcela e na herdabilidade média de progênes (0,515 para Lages e 0,416 para Rio Negrinho). Estas últimas podem ser consideradas altas para a variável DAP, quando comparada com valores da literatura apresentados para a espécie na Tabela 1. Estes altos valores indicam expressivo controle genético e altas acurácias (0,718 a 0,645, respectivamente) na seleção entre progênes.

Nesse sentido, vale ressaltar que a mais importante função da herdabilidade em estudos genéticos de caracteres métricos é o seu papel preditivo, expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético, ou o grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; CORNELLIUS, 1994).

Os resultados preditos para herdabilidade dentro de progênes em Lages foi 1,49 vezes superior a Rio Negrinho (0,13 e 0,087, respectivamente). Aparentemente, o ambiente de crescimento de Lages proporcionou maior variação na expressão potencial do crescimento entre árvores dentro das parcelas, o que poderia propiciar maior ganho genético por meio de seleção nesse nível. Por outro lado, observou-se pequena variação ambiental dentro dos blocos. As estimativas dos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela foram semelhantes (0,004 e 0,003) para os locais Lages e Rio Negrinho, respectivamente.

Apesar das diferenças observadas, de maneira geral, os valores apresentaram-se semelhantes para os dois locais, para a variável DAP avaliada e, devido à magnitude dos componentes de variância estimados, ganhos genéticos expressivos poderão ser obtidos pela seleção em nível de família em cada um dos locais.

### 5.2.2 Análise Conjunta

Os componentes de variância e os parâmetros genéticos das progênes do teste de progênes de *P. taeda* determinados pela análise conjunta envolvendo os

dois locais, Lages e Rio Negrinho, para a variável DAP e altura estão apresentados na Tabela 6.

A variância ambiental entre parcelas estimada pela análise conjunta foi menor para DAP (0,101) que a estimada para a variável altura (0,251). Por outro lado, as variâncias da interação genótipos x ambientes para o DAP (0,183) foi maior em relação aos valores da variável altura (0,070), resultando em baixos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela para a variável DAP em relação a variável altura.

A herdabilidade das médias das progênes estimadas pela análise conjunta para a variável DAP (0,552) foi superior que a estimada para a variável altura (0,267). O valor estimado para acurácia para a variável DAP foi considerada alta (0,743) conforme classificação de RESENDE e DUARTE (2007) que demonstra uma forte correlação entre os valores genéticos preditos e os valores genéticos verdadeiros, indicando confiança na avaliação no valor genético predito.

As diferenças obtidas entre os componentes de variância através das análises conjuntas e as análises individuais se devem ao fato de se analisar todo o experimento em conjunto, obtendo-se componentes de variância médios entre os locais.

TABELA 6 - PARÂMETROS GENÉTICOS DA VARIÁVEL DAP E ALTURA DAS FAMÍLIAS DO TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* L. PELA ANÁLISE CONJUNTA, NOS MUNICÍPIOS DE LAGES E RIO NEGRINHO, NO ESTADO DE SANTA CATARINA

PARÂMETRO	DAP	Altura
Variância genética aditiva	3,031	0,251
Variância ambiental entre parcelas	0,101	0,561
Variância da interação genótipo x ambiente	0,183	0,070
Variância residual	23,348	3,877
Variância fenotípica individual	26,662	4,759
Herdabilidade aditiva individual	0,113 ± 0,082	0,052 ± 0,019
Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela	0,004	0,118
Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente	0,007	0,015
Herdabilidade da média de progênies	0,552	0,267
Acurácia da seleção de progênies	0,743	0,517
Herdabilidade aditiva dentro de parcela	0,089	0,046
Correlação genética entre o desempenho das progênies nos vários ambientes	0,805	0,473
Variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênies	0,339	0,046
Desvio padrão do valor genotípico predito de progênies	0,582	0,215
Média geral	23,457	19,357

FONTE: A AUTORA (2013)

As estimativas de coeficiente de determinação de efeitos de parcela para as duas variáveis foram baixas, 0,004 e 0,118, revelando pequena variação ambiental dentro do bloco.

As correlações genéticas entre o comportamento das progênes considerando os dois locais permitem inferir que as correlações foram de alta magnitude para a variável DAP (0,805) e mediana (0,472) para altura. Estes valores encontrados são semelhantes aos citados na literatura. Martinez *et al.* (2012) analisando o comportamento de progênes de *Pinus taeda* para cinco locais e correlacionando de dois a dois, encontrou para variável DAP valores de correlação genética de 0,356 a 0,941 e de 0,179 a 0,803 para a variável altura. Duda (2003) também cita altos valores de correlações para *Pinus taeda* avaliando em três locais e analisados dois a dois, sendo que para o diâmetro as correlações variaram entre 0,85 e 0,94 e para a altura variaram entre 0,81 e 0,92.

Segundo Resende (2002), uma população de melhoramento única, com seleção de materiais estáveis (seleção pela média de locais), deve ser adotada quando o valor da correlação genética entre locais estiver compreendido entre os valores de 0,70 e 0,90.

Desta forma, os resultados obtidos para a correlação genética entre os locais (Tabela 6), para essa população estudada de *P. taeda* e os caracteres avaliados, sugere o estabelecimento de uma zona de melhoramento para os dois locais se a decisão for baseada na variável DAP e duas zonas de melhoramento se a decisão for baseada na variável altura .

Deve ser salientado que a variável altura apresenta menor precisão de mensuração quando comparado com a variável DAP. Além disso, o DAP é diretamente mais correlacionado com o volume do que a altura, pois o volume é uma função do quadrado do diâmetro. Devido a essas considerações, os resultados para DAP, neste caso, são mais relevantes.

### 5.3 ESTUDO DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE PROGÊNIES DE *Pinus taeda* DE POLINIZAÇÃO ABERTA

O estudo de produtividade, estabilidade e adaptabilidade entre Lages e Rio Negrinho foi realizado visando identificar material genético comum para os dois

locais, que fossem estáveis, mas capazes de responder ao estímulo do ambiente, mantendo bom crescimento mesmo quando as condições ambientais fossem desfavoráveis.

O valor da acurácia da seleção de progênies encontrada para a variável DAP (0,735) foi considerada alta em relação a acurácia para altura (0,436), conforme pode ser observada na Tabela 7. Estes valores possibilitam maior segurança na seleção de progênies com base no DAP, conforme relatam Resende e Duarte (2007).

TABELA 7 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA AS VARIÁVEIS DAP E ALTURA PARA PROGÊNIES DE *P. taeda* L., AVALIADOS NA ANÁLISE CONJUNTA ENTRE OS AMBIENTES PARA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE

PARÂMETRO	DAP	ALTURA
	0,027 ±	0,008 ±
Herdabilidade aditiva individual	0,006	0,003
Herdabilidade média de progênies	0,540	0,190
Coefficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes	0,008	0,033
Acurácia da seleção de progênies	0,735	0,436
Correlação genotípica entre ambientes	0,774	0,209
Média Geral	23,45	19,35
Coefficiente de variação genética (%)	3,66	1,06
Coefficiente de variação experimental(%)	9,71	5,15

FONTE: A AUTORA (2013)

Os coeficientes de variação experimental foram de baixa magnitude (inferiores a 9,71%), revelando uma boa qualidade experimental, tanto para a variável DAP quanto para a altura.

Verifica-se a presença de variabilidade genética entre as progênies avaliadas, principalmente para a variável DAP, conforme demonstrado pelas estimativas de herdabilidade média de progênies (TABELA 8). Isso permite inferir que há boa chance de sucesso na seleção entre progênies para essa variável, possibilitando ganhos genéticos significativos.

A escolha de estratégias baseadas em seleção por local ou considerando os dois locais em conjunto depende diretamente dos genótipos selecionados em cada local, suas herdabilidades e correlações genéticas. Correlações genética acima de 0,67 são consideradas altas e indicam que um só programa de melhoramento

atende satisfatoriamente a todos os locais, simultaneamente (RESENDE, 2002). Neste estudo, a correlação genotípica entre os ambientes foi alta para a variável DAP (0,774), indicando as possibilidades de uma única seleção de progênes ou famílias atender os dois locais estudados.

A baixa correlação genética entre locais para a variável altura (0,209) entre locais indica a existência da interação genótipo x ambiente. De acordo com Cruz e Regazzi (1994) e Lynch e Walsh (1998) a existência da interação está associada a dois fatores: o primeiro, denominado simples, é proporcionado pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes, e o segundo, denominado complexo, indica a inconsistência da superioridade de genótipos com a variação ambiental. Ou seja, haverá genótipos com desempenho superior em um ambiente, mas não em outro, tornando mais difícil atingir os objetivos de seleção (RESENDE, 2007).

Conforme já discutido anteriormente, o crescimento das progênes em Lages foi superior a Rio Negrinho, que é explicado pela melhor qualidade de solo (TABELA 5). Outro fator que favorece o maior crescimento em Lages esta relacionado ao clima da região (TABELA 3).

O ordenamento das 58 melhores progênes para MHPRVG comparado com o ordenamento considerando análise conjunta estão apresentados na Tabela 8.



TABELA 8 - ORDENAMENTO DAS PROGÊNIES DE *Pinus taeda* L. RESULTANTES DA ANÁLISE DE ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE E ANÁLISE CONJUNTA PARA A VARIÁVEL DAP ENVOLVENDO OS DOIS LOCAIS DE PLANTIO: LAGES E RIO NEGRINHO

ORDEM	MHPRVG	ANÁLISE CONJUNTA
1	94	94
2	16	16
3	70	70
4	101	101
5	79	75
6	75	79
7	115	115
8	37	37
9	5	5
10	118	118
11	114	114
12	100	100
13	74	74
14	104	104
15	77	77
16	10	89
17	89	10
18	108	108
19	97	97
20	29	29
21	14	14
22	80	80
23	86	86
24	36	36
25	22	56
26	56	22
27	19	67
28	67	19
29	3	2
30	116	116
31	2	88
32	88	3
33	9	46
34	46	9

Continua...

TABELA 8 – ORDENAMENTO DAS PROGÊNIES DO TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* L. RESULTANTES DA ANÁLISE DE PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE E ANÁLISE CONJUNTA ENTRE OS LOCAIS LAGES E RIO NEGRINHO.

ORDEM	MHPRVG	ANÁLISE CONJUNTA
35	59	59
36	49	49
37	62	62
38	39	39
39	76	76
40	93	93
41	83	83
42	68	68
43	38	38
44	78	78
45	34	34
46	58	58
47	25	25
48	8	85
49	85	20
50	20	8
51	1	17
52	13	1
53	17	13
54	28	28
55	15	7
56	41	41
57	7	15
58	4	4

FONTE: A AUTORA (2013)

A maioria das progênies mais produtivas para os dois ambientes não sofreu influência significativa do ambiente e, conseqüentemente, não apresentam interação genótipo x ambiente.

A comparação dos ordenamentos das 58 progênies selecionadas com base no DAP (Tabela 6), mostra coincidência de 100% pelo critério de média harmônica da performance relativas dos valores genéticos (MHPRVG) entre as combinações de locais comparada com análise conjunta de Lages e Rio Negrinho (Tabela 6).

Em termos de adaptabilidade, a performance relativa dos valores genotípicos nos ambientes é uma medida simples e efetiva no contexto dos modelos mistos, pois fornece os resultados em termos de componentes de médias e preserva a escala de avaliação do caráter. Nesse caso, os valores genotípicos preditos (ou dados originais) são expressos como uma proporção da média geral em cada local e, em seguida, o valor médio dessa proporção nos ambientes é obtido (ZENI-NETO *et al.*, 2008).

Com base nesses resultados é possível realizar deduções sobre a predição de valores genéticos reunindo um único critério de seleção em uma mesma zona de melhoramento genético considerando os atributos de produtividade, estabilidade e adaptabilidade.

#### 5.4 Estimativa de ganhos genéticos em Pomar de Sementes de Mudas.

A estimativa de ganhos genéticos pela implantação de um Pomar de Sementes por Mudas (PSM) foi baseada na seleção de 50% das melhores progênes (58 progênes) e na seleção de 20% entre indivíduos (um indivíduo por parcela) com os maiores valores genéticos dentro de cada parcela.

Para avaliar a eficiência dos métodos de seleção propostos foram realizadas estimativas da média e percentual do ganho de seleção das progênes selecionadas.

Na Tabela 9 são apresentadas as estimativas das novas médias e percentuais de ganho de seleção das simulações realizadas com os diferentes métodos de seleção no teste de progênes de *P. taeda* instalados em Lages e Rio Negrinho.

TABELA 9 - ORDENAMENTO DAS PROGÊNIES DE *P. taeda* L. NOS TRÊS DIFERENTES MÉTODOS DE SELEÇÃO PARA POMAR DE SEMENTES POR MUDAS PARA LAGES E RIO NEGRINHO COM BASE NOS VALORES ADITIVOS DA VARIÁVEL DAP.

MÉTODOS DE SELEÇÃO Ordem	LAGES			RIO NEGRINHO		
	Método 1	Método 2	Método 3	Método 1	Método 2	Método 3
1	115	94	94	70	94	94
2	101	16	16	94	16	16
3	75	70	70	16	70	70
4	94	101	101	3	101	101
5	118	75	79	79	75	79
6	94	79	75	5	79	75
7	75	115	115	37	115	115
8	115	37	37	14	37	37
9	94	5	5	29	5	5
10	101	118	118	101	118	118
11	115	114	114	19	114	114
12	118	100	100	114	100	100
13	118	74	74	8	74	74
14	100	104	104	75	104	104
15	79	77	77	74	77	77
16	29	89	10	86	89	10
17	115	10	89	93	10	89
18	16	108	108	69	108	108
19	101	97	97	83	97	97
20	84	29	29	104	29	29
21	20	14	14	118	14	14
22	94	80	80	116	80	80
23	56	86	86	10	86	86
24	106	36	36	36	36	36
25	16	56	22	91	56	22
26	101	22	56	97	22	56
27	100	67	19	108	67	19
28	53	19	67	115	19	67
29	59	2	3	49	2	3
30	97	116	116	100	116	116
31	59	88	2	13	88	2
32	115	3	88	1	3	88
33	118	46	9	25	46	9
34	101	9	46	4	9	46
35	54	59	59	39	59	59
36	115	49	49	95	49	49

Continua...

TABELA 9 – ORDENAMENTO DAS PROGÊNIES DE *P. taeda* L. NOS TRÊS DIFERENTES MÉTODOS DE SELEÇÃO PARA POMAR DE SEMENTES POR MUDAS PARA LAGES E RIO NEGRINHO COM BASE NOS VALORES ADITIVOS DA VARIÁVEL DAP.

MÉTODOS DE SELEÇÃO	LAGES			RIO NEGRINHO		
	Ordem	Método 1	Método 2	Método 3	Método 1	Método 2
37	34	62	62	68	62	62
38	36	39	39	77	39	39
39	38	76	76	80	76	76
40	20	93	93	28	93	93
41	41	83	83	9	83	83
42	17	68	68	119	68	68
43	23	38	38	22	38	38
44	29	78	78	52	78	78
45	86	34	34	2	34	34
46	103	58	58	102	58	58
47	35	25	25	110	25	25
48	98	85	8	88	85	8
49	58	20	85	58	20	85
50	39	8	20	55	8	20
51	60	17	1	15	17	1
52	70	1	13	42	1	13
53	116	13	17	40	13	17
54	14	28	28	76	28	28
55	49	7	15	38	7	15
56	111	41	41	89	41	41
57	64	15	7	26	15	7
58	12	4	4	109	4	4
<b>Nova Média</b>	27,78	27,21	27,43	23,30	23,58	23,11
<b>GS (%)</b>	9,91	7,66	8,51	7,71	8,97	6,82

FONTE: A AUTORA (2013)

LEGENDA: Método 1: seleção entre e dentro de progênies, onde foram selecionadas as 58 melhores progênies e o melhor indivíduo de cada parcela para Lages e Rio Negrinho, com base na média do valor genético aditivo da variável DAP por local; Método 2 - seleção entre e dentro de progênies para Lages e Rio Negrinho, onde foram selecionadas as 58 melhores progênies e o melhor indivíduo de cada parcela, pela análise conjunta das progênies; Método 3 - Seleção das 58 melhores progênies para produtividade, estabilidade e adaptabilidade baseada na média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG) e o melhor indivíduo de cada parcela para Lages e Rio Negrinho, com base na média do valor genético aditivo da variável DAP.

Os resultados apresentados na Tabela 9 indicam que o método de níveis independentes de seleção apresentou maior ganho genético em relação aos ganhos considerando a análise conjunta de genitores e pela estabilidade e adaptabilidade

para Lages. Os ganhos de seleção e da média esperada pelos critérios produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG) e pelos valores considerando análise conjunta dos dados (Tabela 6) apresentaram ganhos menores aos obtidos por local para a variável DAP.

As estimativas apresentadas para MHPRVG, foram computadas já penalizando as progênes pela volubilidade provocada pelos locais e ao mesmo tempo capitalizando a capacidade de resposta a adaptabilidade à melhoria do ambiente (RESENDE, 2007; MAIA, 2009). Este menor ganho está relacionado à seleção das progênes que apresentam bom desempenho nos dois locais, mas não sendo, necessariamente, as melhores para cada ambiente. Essa menor estimativa era esperada, tendo em vista que o maior ganho é obtido no caso de seleção direta para a variável de interesse e para o local exclusivo.

O resultado do método de níveis independentes de seleção para Rio Negrinho apresentou menor ganho genético (7,71 %) em relação ao ganho considerando a análise conjunta de genitores (8,97 %) para a variável DAP. A interação reduz a correlação entre os valores genotípicos e fenotípicos, ocasionando também uma diminuição dos ganhos genéticos com a seleção (NUNES, 2000).

A seleção individual das 58 melhores progênes para a variável DAP para cada um dos locais apresentou 31 progênes em comum, mas não necessariamente apresentadas na mesma ordem.

Em termos do melhoramento, dependendo do que se pretende obter, a ocorrência de baixa correlação genética entre os ambientes nem sempre é desejável, existindo algumas opções para atenuar os efeitos da interação, tais como: (i) identificar genótipos específicos para cada ambiente; (ii) promover subdivisões de uma área heterogênea em sub-regiões mais uniformes, de modo que os genótipos não interajam significativamente com os ambientes; e (iii) identificar genótipos com maior estabilidade fenotípica (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Avaliando a seleção de progênes pelo critério de adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG), ocorre a coincidência de 100 % das 58 melhores progênes, não no mesmo ordenamento de valores genotípicos, pela análise conjunta entre os ambientes (TABELA 4). Correlacionando com a seleção de genitores pela seleção individual por local, a coincidência para Lages foi de 79% e para Rio Negrinho 81%, dentre as 58 melhores progênes, com inversão de ordem dentre os coincidentes.

A avaliação da adaptabilidade e estabilidade deve ser realizada tendo como foco melhorar e aumentar a produtividade, reduzindo custos na implantação futura. Isso irá depender do comportamento das progênes em cada sítio para, somente após esta avaliação, definir quais serão os melhores critérios de seleção (MARTINEZ *et al*, 2012).

Analisando adaptabilidade e estabilidade de progênes introduzidas de *P. taeda* na província de Fujian na China, Sun (2004) encontrou diferença entre progênes e entre locais, onde para um dos locais era mais propício ao crescimento em diâmetro e volume, para o outro local o maior crescimento era para a variável altura. Deste modo, o autor pôde identificar progênes específicas por local para produtividade e, no conjunto de locais, algumas selecionadas para adaptabilidade e estabilidade.

Avaliando o experimento e considerando que as diferenças entre Lages e Rio Negrinho foram baixas, e as coincidências da seleção de progênes para adaptabilidade e estabilidade e análise conjunta dos dados foram altas, conduz praticamente à seleção dos melhores genótipos para ambos os locais.

A semelhança no ganho genético para produtividade, estabilidade e adaptabilidade em relação a seleção individual por local, as altas correlações genéticas entre os dois locais e os genótipos selecionados pelos critérios que envolvem a produtividade, estabilidade e a adaptabilidade sugere que um único programa de melhoramento genético pode ser conduzido para atender as duas regiões do estado de Santa Catarina.

### 5.5 Estimativa de ganhos genéticos em Pomar Clonal de Sementes

Para a implantação do Pomar Clonal de Sementes (PCS) foram selecionados os trinta melhores indivíduos com os maiores valores genéticos.

A seleção dos indivíduos correspondeu a uma intensidade de seleção de 1%. Para avaliar a eficiência dos métodos de seleção propostos foram realizadas estimativas de média e percentual do ganho de seleção dos indivíduos superiores de cada método. As estimativas das médias e percentuais do ganho de seleção dos indivíduos superiores para cada método são apresentadas na Tabela 10.

TABELA 10 – ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS, GANHOS GENÉTICOS (G%) E NOVA MÉDIA NO ESTABELECIMENTO DE UM POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS) DE *P. taeda* L., PELA SELEÇÃO DOS 30 INDIVÍDUOS COM MAIORES VALORES GENÉTICOS, PARA A VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.

ORDEM	LAGES									RIO NEGRINO								
	MODELO 1			MODELO 2			MODELO 3			MODELO 1			MODELO 2			MODELO 3		
	Prog.	Bloco	Ind.	Prog.	Bloco	Ind.	Prog.	Bloco	Ind.	Prog.	Bloco	Ind.	Prog.	Bloco	Ind.	Prog.	Bloco	Ind.
1	101	2	3	94	5	2	115	2	3	70	5	4	94	3	3	70	5	4
2	75	3	4	16	1	3	101	2	3	94	5	2	115	2	3	94	5	2
3	94	3	3	70	5	4	75	3	4	16	1	3	101	2	3	16	1	3
4	118	4	5	115	3	3	94	3	3	3	5	2	16	5	3	3	5	2
5	115	3	2	79	3	1	118	4	5	91	4	1	75	3	4	79	3	1
6	79	3	4	101	4	2	100	1	4	79	3	1	70	3	2	29	3	4
7	84	1	5	75	2	1	79	3	4	93	4	1	79	3	4	5	4	2
8	56	4	4	118	5	3	29	5	1	29	3	4	29	5	1	104	3	4
9	16	2	3	5	4	2	16	5	3	5	4	2	118	4	5	14	2	4
10	100	1	2	104	3	4	56	4	4	104	3	4	37	4	3	19	2	5
11	59	2	5	114	3	1	97	4	5	8	2	1	100	1	4	86	3	5
12	97	4	5	97	1	3	37	4	3	14	2	4	5	1	2	115	3	3
13	54	4	5	37	3	4	77	4	5	19	2	5	97	4	5	114	3	1
14	37	4	3	77	5	3	67	1	2	86	3	5	19	2	1	118	5	3
15	77	4	5	74	5	5	22	2	4	115	3	3	36	1	1	97	1	3
16	62	3	3	29	3	4	5	1	2	114	3	1	56	4	4	74	5	5
17	67	1	2	10	5	1	89	1	2	69	2	2	77	4	5	75	2	1
18	22	2	4	100	5	5	36	1	1	118	5	3	114	5	1	101	4	2

Continua...



TABELA 10 – ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS, GANHOS GENÉTICOS (G%) E NOVA MÉDIA NO ESTABELECIMENTO DE UM POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS) DE *P. taeda* L., PELA SELEÇÃO DOS 30 INDIVÍDUOS COM MAIORES VALORES GENÉTICOS, PARA A VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO

ORDEM	LAGES									RIO NEGRINO								
	MODELO 1			MODELO 2			MODELO 3			MODELO 1			MODELO 2			MODELO 3		
	<sup>1</sup> Prog.	Bloco	Ind.	Prog.	Bloco	Ind.	Prog.	Bloco	Ind.	Prog.	Bloco	Ind.	Prog.	Bloco	Ind.	Prog.	Bloco	Ind.
19	88	4	3	86	3	5	80	4	1	97	1	3	74	1	4	37	3	4
20	46	1	1	14	2	4	108	1	1	74	5	5	22	2	4	10	5	1
21	5	1	2	56	3	4	19	2	1	75	2	1	108	1	1	116	1	1
22	89	1	2	67	3	1	74	1	4	101	4	2	116	2	5	108	5	2
23	80	4	1	108	5	2	114	5	1	37	3	4	67	1	2	77	5	3
24	7	5	2	2	4	2	70	3	2	10	5	1	86	3	5	36	3	1
25	50	5	2	89	5	2	116	2	5	116	1	1	80	4	1	100	5	5
26	108	1	1	19	2	5	104	3	5	83	4	4	14	3	4	67	3	1
27	74	1	4	116	1	1	86	3	5	108	5	2	104	3	5	56	3	4
28	114	5	1	80	2	2	10	4	4	36	3	1	89	1	2	80	2	2
29	2	4	1	22	3	2	14	3	4	100	5	5	10	4	4	22	3	2
30	10	4	4	36	3	1	3	4	4	49	3	3	2	4	1	89	5	2
<b>Nova Média</b>	27,01			26,03			27,06			22,83			23,27			23,34		
<b><sup>2</sup>GS %</b>	6,86			2,99			7,09			5,54			7,57			7,92		

FONTES: A AUTORA (2013)

Nota: <sup>1</sup>Prog: Progênie; Ind: Indivíduo, <sup>2</sup>GS% = Percentual de ganho de seleção.

LEGENDA: Método 1 - seleção dentro de progênies para Lages e Rio Negrinho, onde foram selecionadas as 30 melhores progênies e o melhor indivíduo de cada uma, com base no valor genético aditivo da variável DAP por local; Método 2 - seleção dentro de progênies para Lages e Rio Negrinho, onde foram selecionadas as 30 melhores progênies e o melhor indivíduo de cada uma, considerando análise conjunta das progênies; Método 3 - Seleção das 30 melhores progênies para produtividade, estabilidade e adaptabilidade baseada na média harmônica na performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG) e o melhor indivíduo de cada uma para Lages e Rio Negrinho, com base na média do valor genético aditivo da variável DAP, por local.

A seleção individual dos indivíduos proporcionou estimativas de ganhos genéticos para a variável DAP de 6,86% para Lages e 5,54% para a região de Rio Negrinho.

Na seleção conjunta de genitores o ganho para Lages foi inferior (2,99%), comparada com seleção individual no local. Para Rio Negrinho a situação foi inversa, o ganho de seleção foi 2 % superior elevando a nova média da população em DAP de 21,63 cm (Tabela 4) para 23,27 m (Tabela 8), este menor valor de ganho era esperada, tendo em vista que o maior ganho é obtido nos casos de seleção direta para o local específico. Isto não se confirmou para a região de Lages, devido proporcionar uma melhor condição de crescimento dentro das progênes.

Na simulação envolvendo as 30 melhores progênes do modelo de estabilidade e adaptabilidade para a região de Rio Negrinho para a formação do Pomar Clonal de Sementes (PCS) o ganho para Lages foi inferior (2,99%), comparada com seleção individual no local o Pomar de Sementes por Mudas (PSM), Tais resultados podem ser justificados pela menor intensidade de seleção de indivíduos superiores na implantação do pomar de sementes clonal.

Para Rio Negrinho o ganho de seleção foi superior (7,57 %) elevando a nova média da população em DAP de 21,63 cm (Tabela 4) para 23,27 m (Tabela 8). Os 30 indivíduos com maiores valores genéticos selecionados propiciarão um ganho genético igual a 7,92%.

## 5.6 ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO PARA *Pinus taeda* L.

Na seleção conjunta de genitores para a formação do Pomar Clonal de Sementes (PCS) o ganho para Lages foi inferior (2,99%), comparada com seleção individual no local. No Pomar de Sementes por Mudas (PSM) os resultados podem ser justificados pela menor intensidade de seleção de indivíduos superiores na implantação do pomar de sementes clonal.

A seleção individual para Pomar Clonal de Sementes proporcionou estimativas de ganhos genéticos para a variável DAP de 6,86% para Lages e 5,54% para a região de Rio Negrinho. O ganho genético de seleção para DAP considerando a seleção conjunta de genitores para estabilidade e adaptabilidade, foram próximos (7,09 % para Lages e 7,92% para Rio Negrinho) os ganhos obtidos.

Com base nesse fato, é aconselhável optar pela utilização do Pomar Clonal de Sementes pela seleção combinada dos dois locais considerando a adaptabilidade e estabilidade das progênies de *Pinus taeda*, pois sua adoção não implica custos adicionais ao processo seletivo e maximiza o ganho genético em DAP para as duas regiões.

Nesta simulação o tamanho efetivo populacional igual a 30 foi obtido com a seleção dos 30 melhores indivíduos em termos de valores genéticos. O ganho genético (GS=7,92 %), é 2,38 % superior à simulação de seleção dos 30 melhores indivíduos na seleção individual para Rio Negrinho.

Assim, como o objetivo é potencializar os ganhos genéticos e manter um tamanho efetivo populacional adequado para as futuras seleções para outras características de interesse, como qualidade da madeira, sem o risco de restrição da base genética e consequente endogamia.

A melhor opção é manter os testes de progênies como banco de germoplasma mantendo as 115 progênies nos testes de progênies e utilizar as 30 melhores progênies para o estabelecimento do Pomar Clonal de Sementes (PCS).

A estratégia será montar um pomar clonal de sementes (PCS) com os melhores indivíduos de valor genético individual das 30 melhores progênies com base no resultados da análise apresentada para adaptabilidade e estabilidade na região de Rio Negrinho.

## 6. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos no estudo permitiram as seguintes conclusões:

- O DAP é a variável que apresenta maior correlação genética com o volume com casca, assim, pode ser usado como variável para seleção em crescimento;
- As herdabilidades para os modelos de seleção entre progênes, dentro de progênes e individual são moderadas;
- Não foi detectada interação genótipo x ambiente deste modo, é possível estabelecer uma única zona de melhoramento de *P. taeda* para atender as duas regiões de estudo;
- Para a formação do Pomar de Sementes por Mudanças (PSM) para Lages o método 1 (seleção individual) apresenta maior ganho genético, e para Rio Negrinho o método 2 (análise baseada na interação genótipo x ambiente);
- Para o Pomar Clonal de Sementes (PCS) o método que maximiza os ganhos de seleção tanto para Lages como para Rio Negrinho é o modelo de média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG), método 3;
- Para a produção de sementes melhorada a estratégia recomendada é transformar o teste de progênes em dois PSM's, com base na seleção proposta no modelo 1 para Lages, e modelo 2 para Rio Negrinho, essa estratégia garante a obter ganhos genéticos e a manutenção da variabilidade genética ( $N_e = 145$ );

- Para o Pomar Clonal de Sementes (PCS) o tamanho efetivo populacional é igual a 30, menor que em relação a formação do Pomar de Sementes por Mudanças, devido a alta intensidade de seleção dos indivíduos (1 %);
- Se a demanda de sementes for maior que a capacidade de produção dos PSM's, recomenda-se instalar PCS comum para as duas regiões considerando a seleção dos genitores pelo modelo 3.

## REFERÊNCIAS

- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES DE FLORESTAS PLANTADAS (ABRAF). **Anuário estatístico da ABRAF 2012**: ano base 2011. Brasília, 2012. 150p.
- ASSIS, T. F. Melhoramento genético do eucalipto. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.18, n.185, p.32-51, 1996.
- BASTOS, I.T. et al. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 4, p. 195-203, out./dez. 2007.
- BAKER, J. B.; LANGDON, O. G. **Loblolly pine**. 2006. Disponível em: <[http://www.na.fs.fed.us/pubs/silvics\\_manual/Volume\\_1/pinus/taeda.htm](http://www.na.fs.fed.us/pubs/silvics_manual/Volume_1/pinus/taeda.htm)>. Acesso em: 15 out. 2012.
- BUENO, L.C.S.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P. **Melhoramento genético de plantas**. 1. ed. Lavras: Editora da UFLA, 2001. 282P.
- CARBONELL, S.A.M.; CHIORATO, A.F.; RESENDE, M.D.; DIAS, L.A.S; BERALDO, A.L.A.; PERINA, E.F. Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no Estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 66, p.193-201, 2007.
- COTTERILL, P. P.; DEAN, C. A. Changes in genetic control of growth of *Radiata Pine* to 16 years and efficiencies of early selection. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v.37, p.138-146, 1988.
- COTTERILL, P. P.; ZED. P.G. Estimates of genetic parameters for growth and form traits in four *Pinus radiata* D. Don progeny tests in South Australia. **Australian Forest Research**, Canberra, v.10, p. 155-167,1980.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético, v. 1**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.
- DEMERITT JR, M. E.; GARRET, P. W. **Adaptation of eastern white pine provenances to planting sites**. Radnor, PA: USDA Forest Service, Northeastern Forest Experiment Station, 1996. 7 p. (Research Paper NE-703).
- DIAS, L. A. S.; KAGEYAMA, P. Y. Variação genética em espécies arbóreas e consequências para o melhoramento florestal. **Agrotrópica**, Itabuna, v. 3, p. 119-127, 1991.
- DORMAN, K.W. **The genetics and breeding of southern pines**. [S.l.]: U.S. Department of Agriculture, 1976. 407 p. Agricultural Handbook.

DUDA, L. L. Seleção genética de árvores de *Pinus taeda* L. na região de Arapoti, Paraná. 2003. 60 p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2003.

EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 01, n. 01, p. 36-40, 1966.

FALCONER, D. S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa: Imprensa Universitária, 1987. 279 p.

FERREIRA, A. R. **Produtividade de plantios melhorados de *Pinus taeda* na Rigesa**. Três Barras: Rigesa Melhoramento Técnico, 2003.

FERREIRA, A.; HODGE, G. Age X Age correlations in *Pinus taeda* in Brazil. In: CAMCORE Annual Report, 2002. Raleigh, NC: [s.n.], 2002. p. 19-24.

FIER, L. S. Variação Genética e Métodos de Melhoramento para *Pinus maximinoi* H. E. Moore em Telêmaco Borba (PR). 2001. 46 p. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2001.

FOX, P. N.; CROSSA, J.; ROMAGOSA, I. Multi-environment testing and genotype environment interaction. In: KEMPTON, R. A.; FOX, P. N. (Ed.). **Statistical methods for plant variety evaluation**. New York: Chapman & Hall, 1997. p. 117-138.

HIGA, R.C.V. **Avaliação e recuperação de *Eucalyptus dunnii* Madein atingidos por geadas em Campo Tenente, PR**. 1998. 100 p. Tese (Doutorado em Engenharia Florestal) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 1998.

KAGEYAMA, P. Y. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. 1980. 125p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1980.

KITZMILLER, J.H. Progeny testing: objectives and design. In: SERVICE WIDE GENETIC WORKSHOP, 1983, Charleston. **Proceedings...** Charleston, South Carolina, 1983. p.231-247.

KRONKA, F. J.N., BERTOLANI, F., PONCE, R. H. **A cultura do *Pinus* no Brasil**. São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 2005. 160 p.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v.68, p.193-198, 1988.

LÓPEZ, C. R.; FORNÉS, L. F. Estabilidade genética em progênies de *Eucalyptus grandis* (Hill) ex Maiden. In: IUFRO CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPTUS, 1997, Salvador. **Proceedings...** Colombo: EMBRAPA-CNPQ, 1997. v. 1, p. 163-168.

MAIA, M. C. C. et al. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical** v. 39, n. 1, p. 43-50, 2009.

MORI, E. S.; LELLO, L. R. B.; KAGEYAMA, P. Y. Efeito da interação genótipo x ambiente em progênies de *Eucalyptus saligna* Smith. **IPEF**, Piracicaba, n. 33, p. 19-25, 1986.

NUNES, G. H. S. **Interação genótipos x ambientes em eucalipto**: implicações sobre a seleção e formas de atenuar seu efeito. 2000. 160 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2000.

PIGATO, S. M. P. C.; LOPES, C. R. Caracterização silvicultural, botânica e avaliação da variabilidade genética por meio de marcadores moleculares RAPD em um teste de progênies de *Eucalyptus urophylla* S. T. Blake. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n.60, p.135-148, 2001.

PIRES, I.E. et al. **Genética Florestal**. Viçosa, MG: Arka, 2011. 318p.

QUOIRIN, M.; VIEIRA, R.C. Rhizogenesis and nodule formation from callus of *Eucalyptus grandis* and *E. grandis* x *urophylla*. **Arquivos de Biologia e Tecnologia**, Curitiba, v. 38, n. 3, p. 793-798, 1995.

RESENDE, M.D.V. Melhoramento de Essências Florestais. In: BORÉM, A. **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 2005. p. 717-780.

RESENDE, M.D.V. **Selegen-Reml/Blup**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 361 p.

RESENDE, M.D.V. **Software SELEGEN-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa, 2002. 67p.

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975 p.

RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 562p.

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

ROSADO, A.M. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.47, n.7, p.964-971, jul. 2012.

ROUTSALAINEN, S., LINDGREEN, D. Predicting genetic gain of backward and forward selection in forest tree breeding. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v.47, n.1, p.42-50, 1998.



SAMPAIO, P. de T. B. **Variação genética entre procedências e progênes de *Pinus oocarpa* Schiede, *Pinus caribaea* var. *hondurensis* Barr. & Golf, e *Pinus maximinoi* H. E. Moore e métodos de seleção para melhoramento genético.** 1996. 169p. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 1996.

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

SEBBENN, A. M. *et al.* Variação genética em progênes 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, n. único, p. 63-73, 1994.

STURION, J. A. Variação genética de características de crescimento e de qualidade da madeira em progênes de *Eucalyptus viminalis* LABILL. 1993. 112 p. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) - Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 1993.

SUN, X. The adaptability and stability evaluation on introduced families of *Pinus taeda*. **Journal of Anhui Agricultural University**. v. 31, n. 3, p. 363 - 367, 2004.

TOMASELLI, I. Planted forests in Brazil. In: PLANTED FORESTS IN SARAWAK, AN INTERNATIONAL CONFERENCE, 1998, Sarawak. **Proceedings**. Sarawak: Kuching Forest Department, 1998. p. 2-35.

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

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

VENDRUSCOLO, E. C. G. **Comparação de métodos de avaliação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de milho pipoca (*Zea mays*) na região centro-sul do Brasil**. 1997. 79p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 1997.

ZENI-NETO, H.; OLIVEIRA, R. A. de; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; IDO, O. T.; WEBER, H. Seleção para produtividade, estabilidade e adaptabilidade de clones de cana-de-açúcar em três ambientes no Estado do Paraná via modelos mistos. **Scientia Agraria**, Curitiba, v.9, p.425-430, 2008.

ZOBEL, B.J.; TALBERT, J.T. **Applied forest tree improvement**. New York: John Wiley, 2003. 505p.

## APÊNDICES

**APÊNDICE A**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* COM BASE NOS**  
**VALORES ADITIVOS DA VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
1	115	2	3	3,39	70	5	4	2,77
2	101	2	3	3,03	70	2	2	2,63
3	75	3	4	2,88	70	3	1	2,57
4	94	3	3	2,68	70	4	2	2,51
5	118	4	5	2,60	94	5	2	2,50
6	94	4	3	2,59	16	1	3	2,45
7	115	3	2	2,58	16	2	3	2,44
8	115	1	3	2,51	16	5	4	2,23
9	118	2	2	2,46	16	4	2	2,12
10	100	1	4	2,46	70	1	2	2,09
11	79	3	4	2,45	94	1	1	2,03
12	29	5	1	2,45	25	3	1	2,03
13	115	4	2	2,37	3	5	2	1,95
14	16	5	3	2,37	16	3	5	1,91
15	101	5	4	2,35	94	3	2	1,90
16	84	1	5	2,34	3	4	2	1,89
17	20	1	3	2,32	3	2	4	1,80
18	94	5	4	2,32	3	1	1	1,79
19	56	4	4	2,31	91	4	1	1,76
20	106	2	3	2,30	3	3	5	1,68
21	16	2	3	2,27	79	3	1	1,67
22	101	1	5	2,27	94	4	4	1,65
23	59	2	5	2,25	79	5	2	1,57
24	97	4	5	2,25	93	4	1	1,54
25	115	5	5	2,19	29	3	4	1,54
26	118	1	4	2,19	5	4	2	1,53
27	101	3	3	2,17	104	3	4	1,52
28	54	4	5	2,16	8	2	1	1,51
29	75	5	1	2,15	14	2	4	1,50
30	37	4	3	2,15	93	2	1	1,47
31	94	2	1	2,14	19	2	5	1,42
32	34	5	1	2,14	5	5	4	1,41
33	37	2	2	2,11	86	3	5	1,40
34	77	4	5	2,03	115	3	3	1,40
35	54	5	4	2,03	39	4	4	1,40
36	62	3	3	2,02	91	2	4	1,39
37	59	1	3	2,02	91	3	2	1,38

*Continua...*

**APÊNDICE A**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* L. COM BASE**  
**NOS VALORES ADITIVOS DA VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
38	67	1	2	2,01	114	3	1	1,38
39	56	1	4	2,00	19	4	2	1,38
40	56	5	2	2,00	69	2	2	1,37
41	79	2	5	2,00	14	1	1	1,37
42	67	2	1	1,98	118	5	3	1,37
43	23	1	5	1,97	94	2	4	1,36
44	75	2	3	1,97	114	5	5	1,35
45	22	2	4	1,97	97	1	3	1,35
46	77	2	3	1,96	5	3	4	1,34
47	88	4	3	1,96	79	4	1	1,34
48	12	1	4	1,96	9	5	2	1,34
49	46	1	1	1,95	74	5	5	1,34
50	100	5	5	1,93	19	3	2	1,34
51	5	1	2	1,93	75	2	1	1,33
52	46	4	1	1,92	5	1	1	1,32
53	78	4	3	1,91	97	2	3	1,30
54	89	1	2	1,90	101	4	2	1,29
55	54	2	1	1,90	86	2	4	1,28
56	101	4	3	1,88	37	3	4	1,27
57	59	5	1	1,87	79	2	4	1,27
58	54	3	3	1,87	69	3	5	1,27
59	17	5	3	1,85	104	1	2	1,27
60	79	5	5	1,85	10	5	1	1,26
61	46	2	3	1,84	114	2	2	1,25
62	77	3	5	1,83	116	1	1	1,23
63	36	1	1	1,81	8	3	4	1,23
64	89	4	4	1,80	5	2	1	1,23
65	80	4	1	1,80	14	3	4	1,23
66	23	5	5	1,79	29	4	2	1,23
67	7	5	2	1,79	10	2	3	1,22
68	89	5	4	1,79	116	2	3	1,22
69	89	3	3	1,78	8	4	1	1,22
70	76	1	3	1,78	86	5	4	1,22
71	89	2	1	1,77	83	4	4	1,22
72	50	5	2	1,75	75	5	4	1,21
73	37	5	4	1,73	101	3	5	1,21
74	118	3	1	1,73	10	4	5	1,20

*Continua...*

**APÊNDICE A**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* L. COM BASE**  
**NOS VALORES ADITIVOS DA VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
75	16	4	4	1,73	19	1	1	1,19
76	108	1	1	1,72	116	3	5	1,18
77	5	4	2	1,71	14	4	3	1,16
78	100	2	4	1,70	101	2	2	1,15
79	77	5	4	1,69	37	4	3	1,14
80	49	2	4	1,69	93	5	1	1,12
81	85	2	3	1,68	91	1	3	1,12
82	56	3	2	1,67	86	1	2	1,12
83	22	1	3	1,66	91	5	3	1,12
84	77	1	1	1,65	37	1	1	1,12
85	9	2	3	1,64	68	4	3	1,12
86	108	5	3	1,63	79	1	2	1,10
87	94	1	4	1,62	102	5	2	1,09
88	50	2	4	1,62	108	5	2	1,07
89	20	4	1	1,61	97	3	1	1,07
90	76	2	3	1,61	77	5	3	1,07
91	37	3	3	1,61	101	1	4	1,06
92	74	1	4	1,61	37	5	4	1,06
93	5	2	2	1,60	115	4	2	1,05
94	106	4	5	1,60	68	1	2	1,05
95	46	5	5	1,60	39	3	1	1,04
96	7	3	2	1,59	119	2	2	1,03
97	114	5	1	1,58	118	1	4	1,03
98	7	1	4	1,58	36	3	1	1,02
99	114	4	4	1,58	100	5	5	1,01
100	70	3	2	1,54	75	1	5	1,01
101	108	4	4	1,54	95	2	5	1,00
102	88	5	3	1,54	2	4	2	1,00
103	62	2	1	1,53	118	3	5	1,00
104	100	3	3	1,52	37	2	4	0,99
105	22	4	2	1,52	102	2	5	0,98
106	50	4	4	1,51	83	2	1	0,98
107	108	3	4	1,51	104	4	3	0,98
108	58	5	5	1,51	49	3	3	0,98
109	67	5	4	1,51	36	1	3	0,97
110	116	2	5	1,49	102	1	5	0,97
111	74	2	3	1,49	1	4	1	0,96

Continua...

**APÊNDICE A**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* L. COM BASE**  
**NOS VALORES ADITIVOS DA VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
112	67	4	3	1,49	114	1	5	0,96
113	7	4	1	1,48	86	4	1	0,95
114	80	3	1	1,47	25	5	5	0,95
115	16	3	5	1,47	83	3	2	0,95
116	80	5	3	1,46	114	4	1	0,94
117	49	4	5	1,45	108	2	4	0,94
118	97	5	5	1,43	38	1	1	0,94
119	104	3	5	1,43	83	1	4	0,94
120	2	4	1	1,42	8	5	4	0,93
121	103	2	5	1,41	115	1	2	0,93
122	97	1	2	1,41	74	2	2	0,93
123	17	4	5	1,41	40	1	1	0,93
124	114	2	2	1,40	14	5	1	0,93
125	56	2	4	1,39	119	5	4	0,93
126	86	3	5	1,39	74	1	1	0,93
127	60	5	1	1,38	75	4	4	0,91
128	84	4	1	1,38	1	3	5	0,91
129	41	3	5	1,38	100	2	4	0,91
130	88	1	1	1,38	74	4	4	0,91
131	41	2	2	1,38	104	5	1	0,91
132	62	5	2	1,38	88	1	1	0,91
133	38	5	1	1,37	109	3	5	0,91
134	79	4	1	1,37	95	3	3	0,90
135	106	1	3	1,37	93	3	3	0,90
136	60	3	1	1,36	100	3	5	0,89
137	86	5	1	1,35	19	5	5	0,89
138	9	4	5	1,35	74	3	5	0,87
139	100	4	1	1,35	36	5	1	0,87
140	10	4	4	1,35	36	2	1	0,86
141	80	1	2	1,35	13	4	2	0,86
142	74	4	3	1,35	93	1	2	0,86
143	97	2	1	1,34	115	2	2	0,86
144	5	3	4	1,33	116	4	1	0,85
145	74	5	3	1,33	80	2	2	0,85
146	20	3	1	1,33	83	5	5	0,84
147	67	3	4	1,32	4	4	1	0,84
148	10	2	5	1,32	28	5	2	0,84

*Continua...*

**APÊNDICE A**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* L. COM BASE**  
**NOS VALORES ADITIVOS DA VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
149	37	1	1	1,31	69	5	4	0,83
150	36	2	4	1,28	115	5	4	0,83
151	16	1	2	1,28	22	3	2	0,83
152	78	3	1	1,28	101	5	2	0,82
153	35	3	3	1,28	9	2	2	0,82
154	84	2	4	1,28	75	3	3	0,82
155	59	3	1	1,27	52	5	3	0,82
156	54	1	1	1,27	95	5	3	0,82
157	35	4	1	1,27	69	1	4	0,82
158	59	4	5	1,26	2	3	2	0,82
159	5	5	4	1,26	39	1	1	0,81
160	74	3	2	1,26	2	2	5	0,80
161	7	2	1	1,26	97	5	4	0,80
162	78	1	1	1,25	80	4	3	0,80
163	80	2	5	1,25	52	1	5	0,80
164	85	4	5	1,25	116	5	1	0,79
165	70	4	5	1,25	80	1	2	0,79
166	60	1	3	1,24	55	3	1	0,78
167	98	1	5	1,24	29	5	1	0,78
168	86	4	4	1,24	104	2	1	0,77
169	104	1	3	1,23	69	4	5	0,77
170	38	3	2	1,23	77	2	5	0,76
171	9	1	5	1,23	8	1	2	0,76
172	85	3	2	1,22	97	4	2	0,76
173	58	1	1	1,21	58	2	5	0,75
174	111	2	5	1,21	13	3	1	0,75
175	12	2	2	1,20	4	1	5	0,75
176	14	3	4	1,20	119	1	5	0,75
177	114	3	2	1,20	38	4	5	0,75
178	36	5	1	1,19	95	1	5	0,75
179	10	1	2	1,18	40	2	4	0,75
180	14	5	5	1,18	2	1	5	0,75
181	84	3	4	1,18	13	5	2	0,74
182	38	4	4	1,17	1	2	5	0,74
183	12	4	4	1,16	1	1	3	0,73
184	9	5	1	1,16	110	5	5	0,73
185	10	5	1	1,15	25	1	2	0,73

*Continua...*

**APÊNDICE A**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* L. COM BASE**  
**NOS VALORES ADITIVOS DA VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
186	35	2	3	1,15	29	2	5	0,72
187	20	2	5	1,15	49	1	4	0,72
188	88	2	3	1,13	108	4	4	0,71
189	79	1	5	1,13	68	5	1	0,71
190	111	4	4	1,12	22	2	4	0,71
191	111	5	4	1,12	22	4	2	0,71
192	64	5	3	1,12	102	3	5	0,70
193	76	5	5	1,11	4	3	3	0,70
194	85	5	5	1,11	100	1	4	0,70
195	49	3	3	1,11	108	3	1	0,70
196	108	2	1	1,10	109	2	5	0,69
197	104	2	1	1,10	110	3	4	0,69
198	41	5	5	1,09	26	5	5	0,68
199	88	3	5	1,08	77	4	2	0,68
200	118	5	2	1,07	38	2	1	0,66
201	106	5	4	1,06	118	4	3	0,66
202	60	2	5	1,05	36	4	3	0,66
203	86	2	5	1,04	89	5	2	0,66
204	2	5	4	1,04	28	3	2	0,66
205	104	5	2	1,04	58	3	1	0,64
206	14	1	3	1,04	1	5	3	0,64
207	97	3	1	1,03	39	5	2	0,63
208	46	3	1	1,03	88	2	3	0,63
209	34	3	4	1,03	49	2	4	0,63
210	39	4	2	1,02	58	4	3	0,62
211	17	1	1	1,02	22	1	5	0,62
212	9	3	2	1,02	89	2	1	0,61
213	14	4	1	1,02	49	5	3	0,61
214	29	4	3	1,02	28	1	5	0,61
215	78	2	5	1,00	26	3	2	0,60
216	86	1	4	0,99	26	1	3	0,60
217	50	3	2	0,98	77	3	5	0,60
218	84	5	5	0,97	38	5	3	0,59
219	114	1	5	0,97	108	1	2	0,59
220	116	4	4	0,97	40	4	2	0,59
221	76	3	2	0,96	10	1	5	0,58
222	103	3	5	0,96	4	2	5	0,58

*Continua...*



**APÊNDICE A**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* L. COM BASE**  
**NOS VALORES ADITIVOS DA VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
223	104	4	4	0,96	95	4	5	0,58
224	70	1	5	0,96	110	2	1	0,58
225	58	4	1	0,95	13	2	5	0,57
226	20	5	1	0,95	42	1	3	0,57
227	39	1	1	0,95	100	4	3	0,56
228	103	5	1	0,94	29	1	1	0,55
229	2	3	1	0,94	80	3	4	0,55
230	116	3	2	0,93	10	3	1	0,54
231	22	3	1	0,93	88	4	4	0,54
232	85	1	4	0,92	26	2	4	0,53
233	98	2	2	0,91	49	4	3	0,53
234	36	4	1	0,89	58	1	3	0,52
235	12	5	3	0,88	13	1	2	0,52
236	38	1	5	0,88	9	4	5	0,51
237	2	2	4	0,88	15	2	4	0,51
238	29	1	1	0,87	110	1	1	0,51
239	23	3	4	0,87	88	3	3	0,50
240	106	3	2	0,86	52	2	1	0,50
241	36	3	2	0,86	76	3	1	0,49
242	23	4	5	0,84	15	1	2	0,49
243	111	3	3	0,84	55	1	2	0,49
244	64	3	2	0,83	88	5	5	0,49
245	58	3	2	0,82	15	5	5	0,47
246	34	4	2	0,79	76	1	4	0,47
247	62	1	2	0,78	68	3	4	0,46
248	14	2	4	0,77	25	4	2	0,46
249	41	4	5	0,77	52	3	5	0,45
250	22	5	2	0,75	42	2	3	0,43
251	17	3	5	0,75	55	5	1	0,43
252	62	4	2	0,75	22	5	4	0,42
253	60	4	3	0,75	68	2	4	0,42
254	103	1	1	0,75	119	3	5	0,41
255	23	2	3	0,73	39	2	2	0,41
256	38	2	1	0,71	55	4	1	0,41
257	29	3	5	0,71	109	1	5	0,40
258	49	1	3	0,70	80	5	2	0,39
259	2	1	5	0,70	102	4	2	0,38

*Continua...*

**APÊNDICE A**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* L. COM BASE**  
**NOS VALORES ADITIVOS DA VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
260	58	2	3	0,69	28	4	5	0,37
261	39	5	5	0,67	4	5	2	0,37
262	75	4	5	0,67	110	4	1	0,37
263	34	1	3	0,66	25	2	1	0,35
264	76	4	3	0,62	109	5	3	0,35
265	49	5	2	0,61	42	5	4	0,34
266	103	4	1	0,60	9	3	4	0,33
267	41	1	2	0,59	77	1	3	0,32
268	75	1	5	0,58	28	2	4	0,32
269	98	3	1	0,58	26	4	4	0,32
270	116	1	2	0,58	76	5	4	0,31
271	39	3	2	0,58	119	4	2	0,31
272	98	5	4	0,58	89	4	4	0,30
273	64	2	5	0,56	55	2	3	0,30
274	78	5	5	0,53	42	3	1	0,28
275	29	2	2	0,53	40	3	4	0,25
276	12	3	3	0,51	40	5	2	0,25
277	10	3	2	0,51	52	4	3	0,24
278	111	1	1	0,51	89	3	5	0,23
279	17	2	1	0,51	9	1	3	0,20
280	116	5	3	0,48	38	3	5	0,20
281	35	1	4	0,45	15	3	3	0,18
282	64	1	1	0,42	2	5	1	0,18
283	70	5	3	0,41	42	4	1	0,17
284	98	4	4	0,37	76	2	2	0,13
285	39	2	3	0,35	15	4	4	0,10
286	64	4	3	0,34	89	1	5	0,09
287	35	5	4	0,31	109	4	3	0,07
288	70	2	5	0,00	58	5	5	-0,01
289	34	2	1	-0,06	76	4	4	-0,02
290					118	1	5	-0,04

FONTE: A autora (2013)

**APÊNDICE B**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* L. PARA**  
**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE COM BASE NOS VALORES ADITIVOS DA**  
**VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
1	115	2	3	3,39	70	5	4	2,77
2	101	2	3	3,03	70	2	2	2,63
3	75	3	4	2,88	70	3	1	2,57
4	94	3	3	2,68	70	4	2	2,51
5	118	4	5	2,60	94	5	2	2,50
6	94	4	3	2,59	16	1	3	2,45
7	115	3	2	2,58	16	2	3	2,44
8	115	1	3	2,51	16	5	4	2,23
9	118	2	2	2,46	16	4	2	2,12
10	100	1	4	2,46	70	1	2	2,09
11	79	3	4	2,45	94	1	1	2,03
12	29	5	1	2,45	25	3	1	2,03
13	115	4	2	2,37	3	5	2	1,95
14	16	5	3	2,37	16	3	5	1,91
15	101	5	4	2,35	94	3	2	1,90
16	20	1	3	2,32	3	4	2	1,89
17	94	5	4	2,32	3	2	4	1,80
18	56	4	4	2,31	3	1	1	1,79
19	16	2	3	2,27	3	3	5	1,68
20	101	1	5	2,27	79	3	1	1,67
21	59	2	5	2,25	94	4	4	1,65
22	97	4	5	2,25	79	5	2	1,57
23	115	5	5	2,19	93	4	1	1,54
24	118	1	4	2,19	29	3	4	1,54
25	101	3	3	2,17	5	4	2	1,53
26	75	5	1	2,15	104	3	4	1,52
27	37	4	3	2,15	8	2	1	1,51
28	94	2	1	2,14	14	2	4	1,50
29	34	5	1	2,14	93	2	1	1,47
30	37	2	2	2,11	19	2	5	1,42
31	77	4	5	2,03	5	5	4	1,41
32	62	3	3	2,02	86	3	5	1,40
33	59	1	3	2,02	115	3	3	1,40
34	67	1	2	2,01	39	4	4	1,40
35	56	1	4	2,00	114	3	1	1,38
36	56	5	2	2,00	19	4	2	1,38
37	79	2	5	2,00	14	1	1	1,37

*Continua...*

**APÊNDICE B**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* L. PARA**  
**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE COM BASE NOS VALORES ADITIVOS DA**  
**VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
38	67	2	1	1,98	118	5	3	1,37
39	75	2	3	1,97	94	2	4	1,36
40	22	2	4	1,97	114	5	5	1,35
41	77	2	3	1,96	97	1	3	1,35
42	88	4	3	1,96	5	3	4	1,34
43	46	1	1	1,95	79	4	1	1,34
44	28	3	4	1,94	9	5	2	1,34
45	100	5	5	1,93	74	5	5	1,34
46	5	1	2	1,93	19	3	2	1,34
47	46	4	1	1,92	75	2	1	1,33
48	78	4	3	1,91	5	1	1	1,32
49	89	1	2	1,90	97	2	3	1,30
50	101	4	3	1,88	101	4	2	1,29
51	59	5	1	1,87	86	2	4	1,28
52	17	5	3	1,85	37	3	4	1,27
53	79	5	5	1,85	79	2	4	1,27
54	46	2	3	1,84	104	1	2	1,27
55	77	3	5	1,83	10	5	1	1,26
56	36	1	1	1,81	114	2	2	1,25
57	89	4	4	1,80	118	2	2	1,25
58	80	4	1	1,80	116	1	1	1,23
59	7	5	2	1,79	8	3	4	1,23
60	89	5	4	1,79	5	2	1	1,23
61	89	3	3	1,78	14	3	4	1,23
62	76	1	3	1,78	29	4	2	1,23
63	89	2	1	1,77	10	2	3	1,22
64	37	5	4	1,73	116	2	3	1,22
65	118	3	1	1,73	8	4	1	1,22
66	16	4	4	1,73	86	5	4	1,22
67	108	1	1	1,72	83	4	4	1,22
68	15	1	5	1,71	75	5	4	1,21
69	5	4	2	1,71	101	3	5	1,21
70	100	2	4	1,70	10	4	5	1,20
71	77	5	4	1,69	19	1	1	1,19
72	49	2	4	1,69	116	3	5	1,18

*Continua...*

**APÊNDICE B**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* L. PARA**  
**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE COM BASE NOS VALORES ADITIVOS DA**  
**VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
73	85	2	3	1,68	14	4	3	1,16
74	56	3	2	1,67	101	2	2	1,15
75	22	1	3	1,66	37	4	3	1,14
76	19	2	1	1,66	93	5	1	1,12
77	77	1	1	1,65	86	1	2	1,12
78	9	2	3	1,64	37	1	1	1,12
79	108	5	3	1,63	68	4	3	1,12
80	94	1	4	1,62	79	1	2	1,10
81	20	4	1	1,61	108	5	2	1,07
82	76	2	3	1,61	97	3	1	1,07
83	37	3	3	1,61	77	5	3	1,07
84	74	1	4	1,61	101	1	4	1,06
85	5	2	2	1,60	37	5	4	1,06
86	46	5	5	1,60	115	4	2	1,05
87	7	3	2	1,59	68	1	2	1,05
88	114	5	1	1,58	39	3	1	1,04
89	7	1	4	1,58	118	1	4	1,03
90	114	4	4	1,58	36	3	1	1,02
91	70	3	2	1,54	100	5	5	1,01
92	108	4	4	1,54	75	1	5	1,01
93	88	5	3	1,54	2	4	2	1,00
94	62	2	1	1,53	118	3	5	1,00
95	100	3	3	1,52	37	2	4	0,99
96	22	4	2	1,52	83	2	1	0,98
97	108	3	4	1,51	104	4	3	0,98
98	58	5	5	1,51	49	3	3	0,98
99	67	5	4	1,51	36	1	3	0,97
100	116	2	5	1,49	1	4	1	0,96
101	74	2	3	1,49	114	1	5	0,96
102	67	4	3	1,49	86	4	1	0,95
103	7	4	1	1,48	25	5	5	0,95
104	15	3	3	1,48	83	3	2	0,95
105	80	3	1	1,47	114	4	1	0,94
106	16	3	5	1,47	108	2	4	0,94
107	80	5	3	1,46	38	1	1	0,94

*Continua...*

**APÊNDICE B**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* L. PARA**  
**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE COM BASE NOS VALORES ADITIVOS DA**  
**VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
108	49	4	5	1,45	83	1	4	0,94
109	97	5	5	1,43	8	5	4	0,93
110	104	3	5	1,43	115	1	2	0,93
111	2	4	1	1,42	74	2	2	0,93
112	97	1	2	1,41	14	5	1	0,93
113	17	4	5	1,41	74	1	1	0,93
114	114	2	2	1,40	75	4	4	0,91
115	56	2	4	1,39	1	3	5	0,91
116	86	3	5	1,39	67	3	1	0,91
117	41	3	5	1,38	100	2	4	0,91
118	88	1	1	1,38	74	4	4	0,91
119	41	2	2	1,38	104	5	1	0,91
120	62	5	2	1,38	88	1	1	0,91
121	38	5	1	1,37	93	3	3	0,90
122	79	4	1	1,37	100	3	5	0,89
123	86	5	1	1,35	19	5	5	0,89
124	9	4	5	1,35	56	3	4	0,88
125	100	4	1	1,35	74	3	5	0,87
126	10	4	4	1,35	36	5	1	0,87
127	80	1	2	1,35	36	2	1	0,86
128	74	4	3	1,35	13	4	2	0,86
129	97	2	1	1,34	67	1	2	0,86
130	5	3	4	1,33	93	1	2	0,86
131	74	5	3	1,33	115	2	2	0,86
132	20	3	1	1,33	116	4	1	0,85
133	19	1	1	1,33	85	2	1	0,85
134	67	3	4	1,32	80	2	2	0,85
135	10	2	5	1,32	83	5	5	0,84
136	37	1	1	1,31	4	4	1	0,84
137	93	5	4	1,29	28	5	2	0,84
138	36	2	4	1,28	115	5	4	0,83
139	16	1	2	1,28	22	3	2	0,83
140	78	3	1	1,28	101	5	2	0,82
141	59	3	1	1,27	9	2	2	0,82

*Continua...*

**APÊNDICE B**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* L. PARA**  
**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE COM BASE NOS VALORES ADITIVOS DA**  
**VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
142	59	4	5	1,26	75	3	3	0,82
143	5	5	4	1,26	2	3	2	0,82
144	74	3	2	1,26	39	1	1	0,81
145	7	2	1	1,26	62	3	3	0,81
146	78	1	1	1,25	2	2	5	0,80
147	80	2	5	1,25	97	5	4	0,80
148	85	4	5	1,25	80	4	3	0,80
149	70	4	5	1,25	116	5	1	0,79
150	86	4	4	1,24	80	1	2	0,79
151	104	1	3	1,23	56	4	4	0,78
152	38	3	2	1,23	29	5	1	0,78
153	9	1	5	1,23	104	2	1	0,77
154	85	3	2	1,22	77	2	5	0,76
155	58	1	1	1,21	8	1	2	0,76
156	14	3	4	1,20	97	4	2	0,76
157	114	3	2	1,20	58	2	5	0,75
158	36	5	1	1,19	13	3	1	0,75
159	10	1	2	1,18	4	1	5	0,75
160	14	5	5	1,18	38	4	5	0,75
161	38	4	4	1,17	2	1	5	0,75
162	9	5	1	1,16	13	5	2	0,74
163	10	5	1	1,15	1	2	5	0,74
164	20	2	5	1,15	1	1	3	0,73
165	88	2	3	1,13	25	1	2	0,73
166	79	1	5	1,13	29	2	5	0,72
167	15	4	1	1,11	49	1	4	0,72
168	76	5	5	1,11	78	4	1	0,71
169	85	5	5	1,11	108	4	4	0,71
170	49	3	3	1,11	68	5	1	0,71
171	1	2	4	1,10	22	2	4	0,71
172	108	2	1	1,10	22	4	2	0,71
173	104	2	1	1,10	4	3	3	0,70
174	41	5	5	1,09	100	1	4	0,70
175	88	3	5	1,08	108	3	1	0,70
176	118	5	2	1,07	34	5	5	0,69

*Continua...*

**APÊNDICE B**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* L. PARA**  
**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE COM BASE NOS VALORES ADITIVOS DA**  
**VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
177	86	2	5	1,04	77	4	2	0,68
178	2	5	4	1,04	38	2	1	0,66
179	104	5	2	1,04	118	4	3	0,66
180	14	1	3	1,04	36	4	3	0,66
181	97	3	1	1,03	89	5	2	0,66
182	46	3	1	1,03	28	3	2	0,66
183	34	3	4	1,03	58	3	1	0,64
184	39	4	2	1,02	1	5	3	0,64
185	17	1	1	1,02	39	5	2	0,63
186	9	3	2	1,02	41	3	5	0,63
187	14	4	1	1,02	88	2	3	0,63
188	29	4	3	1,02	49	2	4	0,63
189	15	2	4	1,01	58	4	3	0,62
190	78	2	5	1,00	22	1	5	0,62
191	86	1	4	0,99	89	2	1	0,61
192	25	1	3	0,97	49	5	3	0,61
193	114	1	5	0,97	28	1	5	0,61
194	116	4	4	0,97	41	4	2	0,60
195	76	3	2	0,96	77	3	5	0,60
196	104	4	4	0,96	38	5	3	0,59
197	70	1	5	0,96	46	1	1	0,59
198	58	4	1	0,95	108	1	2	0,59
199	20	5	1	0,95	10	1	5	0,58
200	39	1	1	0,95	4	2	5	0,58
201	68	1	2	0,94	13	2	5	0,57
202	2	3	1	0,94	62	2	2	0,56
203	116	3	2	0,93	100	4	3	0,56
204	22	3	1	0,93	78	1	3	0,55
205	85	1	4	0,92	29	1	1	0,55
206	19	5	4	0,91	80	3	4	0,55
207	8	2	3	0,90	46	5	2	0,55
208	36	4	1	0,89	67	2	5	0,54
209	38	1	5	0,88	10	3	1	0,54
210	2	2	4	0,88	88	4	4	0,54
211	29	1	1	0,87	49	4	3	0,53

*Continua...*



**APÊNDICE B**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* L. PARA**  
**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE COM BASE NOS VALORES ADITIVOS DA**  
**VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
212	36	3	2	0,86	58	1	3	0,52
213	68	3	5	0,85	13	1	2	0,52
214	68	5	2	0,84	9	4	5	0,51
215	83	5	4	0,83	15	2	4	0,51
216	58	3	2	0,82	88	3	3	0,50
217	15	5	3	0,81	76	3	1	0,49
218	34	4	2	0,79	15	1	2	0,49
219	68	2	1	0,79	88	5	5	0,49
220	62	1	2	0,78	59	2	2	0,48
221	14	2	4	0,77	78	5	5	0,48
222	41	4	5	0,77	15	5	5	0,47
223	28	1	3	0,75	85	5	2	0,47
224	22	5	2	0,75	76	1	4	0,47
225	17	3	5	0,75	17	3	3	0,47
226	62	4	2	0,75	68	3	4	0,46
227	38	2	1	0,71	25	4	2	0,46
228	29	3	5	0,71	34	1	4	0,46
229	49	1	3	0,70	20	4	1	0,45
230	2	1	5	0,70	59	1	1	0,44
231	58	2	3	0,69	17	5	5	0,42
232	93	2	4	0,69	62	5	1	0,42
233	39	5	5	0,67	22	5	4	0,42
234	75	4	5	0,67	68	2	4	0,42
235	34	1	3	0,66	39	2	2	0,41
236	83	3	1	0,65	20	2	1	0,41
237	4	1	2	0,64	80	5	2	0,39
238	76	4	3	0,62	28	4	5	0,37
239	49	5	2	0,61	4	5	2	0,37
240	1	5	4	0,61	17	1	3	0,36
241	41	1	2	0,59	25	2	1	0,35
242	75	1	5	0,58	34	3	1	0,35
243	116	1	2	0,58	9	3	4	0,33
244	13	4	4	0,58	77	1	3	0,32
245	39	3	2	0,58	62	1	3	0,32
246	78	5	5	0,53	28	2	4	0,32
247	29	2	2	0,53	76	5	4	0,31

*Continua...*

**APÊNDICE B**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* L. PARA**  
**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE COM BASE NOS VALORES ADITIVOS DA**  
**VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
248	68	4	2	0,52	89	4	4	0,30
249	8	1	3	0,52	59	3	5	0,29
250	10	3	2	0,51	17	2	2	0,29
251	28	4	3	0,51	85	1	3	0,28
252	17	2	1	0,51	17	4	1	0,27
253	83	2	2	0,50	41	5	2	0,27
254	93	3	5	0,49	7	4	5	0,25
255	116	5	3	0,48	56	2	1	0,24
256	13	5	2	0,44	89	3	5	0,23
257	93	1	5	0,44	62	4	5	0,22
258	1	3	4	0,43	20	3	4	0,22
259	8	5	4	0,42	34	4	5	0,22
260	28	5	1	0,42	20	1	5	0,20
261	70	5	3	0,41	9	1	3	0,20
262	4	4	2	0,37	38	3	5	0,20
263	3	4	4	0,36	41	2	2	0,18
264	13	2	2	0,36	15	3	3	0,18
265	39	2	3	0,35	2	5	1	0,18
266	25	2	2	0,31	67	4	2	0,17
267	1	1	5	0,31	78	2	2	0,17
268	19	4	1	0,30	7	1	5	0,17
269	28	2	2	0,29	56	5	3	0,16
270	13	3	1	0,24	46	3	3	0,14
271	25	3	1	0,24	85	4	3	0,14
272	4	5	5	0,24	76	2	2	0,13
273	3	5	1	0,22	15	4	4	0,10
274	83	1	5	0,21	89	1	5	0,09
275	4	3	2	0,21	59	4	5	0,08
276	25	4	3	0,18	41	1	5	0,07
277	25	5	5	0,11	59	5	1	0,07
278	70	2	5	0,00	34	2	5	0,05
279	3	2	5	-0,01	67	5	4	0,05
280	34	2	1	-0,06	46	4	1	0,02
281	4	2	3	-0,08	20	5	4	-0,01
282	93	4	3	-0,10	58	5	5	-0,01
283	83	4	1	-0,13	7	2	5	-0,02

*Continua...*

**APÊNDICE B**  
**ORDENAMENTO DOS INDIVÍDUOS DAS 58 PROGÊNIES DE *P. taeda* L. PARA**  
**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE COM BASE NOS VALORES ADITIVOS DA**  
**VARIÁVEL DAP PARA LAGES E RIO NEGRINHO.**

ORDEM	LAGES				RIO NEGRINHO			
	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a	FAMÍLIA	BLOCO	ÁRVORE	a
284	13	1	3	-0,18	76	4	4	-0,02
285	3	1	2	-0,23	56	1	5	-0,04
286	19	3	4	-0,25	7	5	5	-0,06
287	8	4	2	-0,41	46	2	5	-0,19
288	1	4	5	-0,43	78	3	4	-0,21
289	8	3	1	-0,52	85	3	2	-0,25
290	3	3	5	-1,02	7	3	3	-0,55

FONTE: A autora (2013)