

LAERCIO LUIZ DUDA

**SELEÇÃO GENÉTICA DE ÁRVORES DE
Pinus taeda L. NA REGIÃO DE ARAPOTI, PARANÁ**

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Engenharia Florestal do Setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná, como requisito parcial à obtenção do grau e título de "Mestre em Ciências Florestais".

Orientador: Dr. Marcos D. V. de Resende

CURITIBA

2003



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

Av. Lothário Meissner, 3400 - Jardim Botânico - CAMPUS III

80210-170 - CURITIBA - Paraná

Tel. (41) 360.4212 - Fax. (41) 360.4211 - <http://www.floresta.ufpr.br/pos-graduacao>

e-mail: pinheiro@floresta.ufpr.br

PARECER

Defesa nº 517

A banca examinadora, instituída pelo colegiado do Curso de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, do Setor de Ciências Agrárias, da Universidade Federal do Paraná, após arguir o mestrando *LAERCIO LUIZ DUDA* em relação ao seu trabalho de dissertação intitulado "SELEÇÃO GENÉTICA DE ÁRVORES DE *Pinus taeda* L. NA REGIÃO DE ARAPOTI, PARANÁ", é de parecer favorável à **APROVAÇÃO** do acadêmico, habilitando-o ao título de *Mestre* no Curso de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, área de concentração em *Silvicultura*.

Dr. Marcos Deon Vilela de Resende
Pesquisador da EMBRAPA-CNP-Florestas
Orientador e presidente da banca examinadora

Dr. Luiz Doni Filho

Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo da UFPR
Primeiro examinador

Dr. Admir Lopes Mora
Gerente Florestal da Norske-Skog
Segundo examinador



Curitiba, 27 de Agosto de 2003.

Franklin Galvão
Coordenador do Curso de Pós-Graduação em Engenharia Florestal

**À minha esposa Luziane e aos
meus filhos João Luiz e Maria Clara,
dedico com amor.**

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais Luiz Duda e Luiza Maria Duda, pelo carinho e apoio em todos os momentos da minha vida.

Ao pesquisador Dr. Marcos Deon Vilela de Resende, pela orientação, amizade e incentivo para a elaboração deste trabalho.

Ao professor e co-orientador Dr. Antonio Rioyei Higa, pela amizade e sua valiosa contribuição.

Ao pesquisador Dr. Admir Lopes Mora, pelo incentivo e contribuição para elaboração deste trabalho.

Ao engenheiro, pesquisador e grande amigo Arnaldo Ferreira, pela grande contribuição e amizade.

A pesquisadora Ivone S. N. Fier pela amizade, contribuição e apoio na realização deste trabalho.

A International Paper, pela oportunidade profissional e apoio à realização deste trabalho.

Aos engenheiros e colegas João Comerio, Fábio Brun, Osmar Menegol, Maurício Penteado, Rogério Silva, Fernando Gomes e Eduardo Campinhos, que em diferentes períodos na International Paper, prestaram o seu apoio para a realização deste trabalho.

A CAMCORE, em especial a William S. Dvorak e Gary Hodge, pelo apoio e incentivo.

Ao Curso de Pós-Graduação em Engenharia Florestal do Setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná, pela oportunidade de realizar o curso.

Ao técnico florestal, Hélio C. S. Candido, da equipe da Pesquisa Florestal da IAF / International Paper, pela colaboração e amizade.

Aos colegas de trabalho Luis Carlos dos Santos, José Wagner da Costa e Reinaldo Cezar, pela amizade e colaboração na coleta de dados.

A todos os amigos e pessoas que contribuíram, mas que por alguma falha não tenham sido citados.

SUMÁRIO

LISTA DE ILUSTRAÇÕES.....	v
RESUMO.....	viii
ABSTRACT.....	ix
1 INTRODUÇÃO.....	1
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1 O GÊNERO PINUS.....	3
2.1.1 Características gerais.....	3
2.1.2 Importância da espécie.....	3
2.1.3 Área de distribuição natural e habitat.....	4
2.1.4 Clima.....	5
2.1.5 Solos.....	6
2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO FLORESTAL.....	6
2.3 GERMOPLASMA PARA SELEÇÃO.....	7
2.4 SELEÇÃO.....	8
2.4.1 Métodos de seleção.....	9
2.4.2 Idade de seleção.....	10
2.5 INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE.....	11
2.6 PARÂMETROS GENÉTICOS.....	12
2.6.1 Importância.....	12
2.6.2 Variância fenotípica e genotípica.....	13
2.6.3 Herdabilidade.....	14
2.6.4 Variância das estimativas dos parâmetros genéticos.....	15
2.6.5 Correlações entre caracteres.....	16
2.7 PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS.....	16
2.8 HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIA E CORREÇÃO DE DADOS PELO DESVIO PADRÃO FENOTÍPICO.....	17
2.9 TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL	18
3 MATERIAL E MÉTODOS	19
3.1 ESCOLHA DO LOCAL DE INSTALAÇÃO DOS TESTES.....	19

3.2	CARACTERIZAÇÃO EDAFO-CLIMÁTICA DA REGIÃO.....	19
3.3	GERMOPLASMA.....	20
3.4	DELINEAMENTO EXPERIMENTAL E COLETA DE DADOS.....	21
3.5	PADRONIZAÇÃO DE DADOS PELO DESVIO PADRÃO FENOTÍPICO.....	22
3.6	ANÁLISE DA INTERAÇÃO ATRAVÉS DA CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE LOCAIS.....	23
3.7	ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO.....	24
3.7.1	Modelo 1.....	24
3.7.2	Modelo 5.....	26
3.7.3	Desvios padrões das estimativas das herdabilidades individuais.....	26
3.8	ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS.....	27
3.9	TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL.....	28
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	29
4.1	CRESCIMENTO E SOBREVIVÊNCIA POR LOCAL.....	29
4.2	CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE LOCAIS.....	30
4.3	CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS ENTRE CARACTERES... ..	32
4.4	SELEÇÃO SIMULADA COM DADOS “PADRONIZADOS” E “NÃO-PADRONIZADOS”	32
4.4.1	Estimativa de parâmetros genéticos e seleção com dados dos cinco testes de progênies agrupados, considerando as cinco procedências, com dados “padronizados” e “não-padronizados”.....	33
4.4.2	Comparação entre as análises com dados “padronizados” e “não-padronizados”.....	35
4.4.3	Efeito nas estimativas dos parâmetros genéticos e seleção considerando a procedência da empresa Braskraft.....	41
4.4.4	Ganhos genéticos e nova média estimados para um Pomar Clonal de Sementes (PCS) comparando a análise das cinco procedências com a procedência Braskraft e com as procedências Klabin e Braskraft em conjunto.....	44
5	CONCLUSÕES.....	45
	REFERÊNCIAS.....	46

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

FIGURA 1 –	ÁREA DE DISTRIBUIÇÃO NATURAL DO <i>P.taeda</i>	5
TABELA 1 –	HERDABILIDADES ASSOCIADAS AOS CARACTERES DE CRESCIMENTO EM DIFERENTES ESPÉCIES DE <i>Pinus</i>	15
TABELA 2 –	CARACTERIZAÇÃO DAS REGIÕES DE INSTALAÇÃO DOS EXPERIMENTOS NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR).....	20
TABELA 3 –	CARACTERIZAÇÃO DAS REGIÕES DE COLETA DAS PROCEDÊNCIAS DE <i>P. taeda</i> TESTADAS NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR).....	21
TABELA 4 –	NÚMERO DE REPETIÇÕES, NÚMERO DE PROGÊNIES POR PROCEDÊNCIA, TOTAL DE ÁRVORES POR EXPERIMENTO E IDADE DE AVALIAÇÃO PARA OS CINCO EXPERIMENTOS, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR).....	22
TABELA 5 –	DESVIOS-PADRÕES FENOTÍPICOS CALCULADOS PARA CADA CARÁTER E LOCAL.....	22
TABELA 6 –	ORGANIZAÇÃO DOS ARQUIVOS DOS EXPERIMENTOS NOS TRÊS LOCAIS ESTUDADOS PARA ANÁLISE DE INTERAÇÃO ENTRE LOCAIS.....	23
TABELA 7 –	MÉDIAS DE INCREMENTO MÉDIO ANUAL PARA OS CARACTERES DAP, ALTURA E VOLUME INDIVIDUAL, SOBREVIVÊNCIA MÉDIA POR EXPERIMENTO, INCREMENTO MÉDIO ANUAL EM VOLUME POR HECTARE E COMPARAÇÃO DE MÉDIAS PELO TESTE DE TUKEY PARA OS CINCO EXPERIMENTOS, NOS TRÊS LOCAIS, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR).....	29
TABELA 8 –	RESULTADOS DA ANÁLISE DAS CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE LOCAIS (r_{gloc}) COM DADOS “PADRONIZADOS” E “NÃO-PADRONIZADOS”.....	30
TABELA 9 –	CORRELAÇÕES GENÉTICAS ADITIVAS EM NÍVEL DE INDIVÍDUOS (r_A) E CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS EM NÍVEL DE FAMÍLIAS (r_F) ENTRE PARES DE CARACTERES DE <i>P. taeda</i> NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR).....	32

TABELA 10 -	COEFICIENTE DE HERDABILIDADE ESTIMADO (\hat{h}_a^2), DESVIO PADRÃO DAS ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE $\hat{s}(\hat{h}_a^2)$, VARIÂNCIA GENÉTICA ADITIVA (V_a), COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICA (c_{va}), COEFICIENTE DE VARIAÇÃO AMBIENTAL (c_{ve}), COEFICIENTES DE DETERMINAÇÃO DOS EFEITOS DE PARCELA ($c_{2\text{parc}}$), COEFICIENTE DE DETERMINAÇÃO DOS EFEITOS DE PROCEDÊNCIA ($c_{2\text{proc}}$) E VARIAÇÃO ENTRE PROCEDÊNCIAS (V_{proc}), COM DADOS "PADRONIZADOS" E "NÃO-PADRONIZADOS", PARA OS TRÊS CARACTERES, EM <i>P. taeda</i> , NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR).....	33
TABELA 11 -	EFEITOS GENOTÍPICOS DAS PROCEDÊNCIAS, PARA OS TRÊS LOCAIS, PARA OS TRÊS CARACTERES, EM <i>P. taeda</i> , NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR).....	35
TABELA 12 -	NÚMERO DE INDIVÍDUOS SELECIONADOS POR LOCAL PELO MODELO 5, COM DADOS "PADRONIZADOS" E "NÃO-PADRONIZADOS", PARA ATIGIR N_e IGUAL A 50, PARA O CARÁTER VOLUME, EM <i>P. taeda</i> NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR).....	36
TABELA 13 -	GANHOS GENÉTICOS EM VOLUME ($\Delta G\%$) NO ESTABELECIMENTO DE UMA POPULAÇÃO SELECIONADA DE <i>P. taeda</i> , PELA SELEÇÃO DOS MELHORES INDIVÍDUOS EM TERMOS DE VALORES GENÉTICOS, NOS TRÊS LOCAIS ESTUDADOS, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR).....	36
TABELA 14 -	VALOR GENÉTICO ADITIVO PREDITO ($\mu+a$), EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS PREDITOS (a), GANHO GENÉTICO, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL (N_e), NOVA MÉDIA E NOVA MÉDIA CONVERTIDA, PARA O ESTABELECIMENTO DE UMA POPULAÇÃO SELECIONADA E UM POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS) DE <i>P. taeda</i> , COM BASE NO CARÁTER VOLUME, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR).....	37
TABELA 15 -	COEFICIENTE DE HERDABILIDADE ESTIMADO \hat{h}_a^2 , DESVIO PADRÃO DAS ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE $\hat{s}(\hat{h}_a^2)$, COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICA (C_{va}), COEFICIENTE DE VARIAÇÃO AMBIENTAL FENOTÍPICA INDIVIDUAL (C_{ve}) E COEFICIENTES DE DETERMINAÇÃO DOS EFEITOS DE PARCELA ($c_{2\text{parc}}$) PARA A PROCEDÊNCIA BKASKRAFT E AS PROCEDÊNCIAS KLABIN E BRASKRAFT JUNTAS, COM DADOS "PADRONIZADOS", PARA VOLUME, EM <i>P. taeda</i> , NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR).....	42

TABELA 16 – COMPARAÇÃO ENTRE O NÚMERO TOTAL DE INDIVÍDUOS SELECIONADOS DAS CINCO PROCEDÊNCIAS E SELEÇÃO SIMULADA PARA A PROCEDÊNCIA BRASKRAFT, PARA VOLUME E N_e IGUAL A 50, EM <i>P. taeda</i> , NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR).....	42
TABELA 17 – MÉDIA GERAL, GANHOS GENÉTICOS ($\Delta G\%$) E NOVA MÉDIA NO ESTABELECIMENTO DE UM POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS) DE <i>P. taeda</i> , PELA SELEÇÃO DOS 20 INDIVÍDUOS COM MAIORES VALORES GENÉTICOS, PARA O CARÁTER VOLUME, NOS TRÊS LOCAIS ESTUDADOS, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR).....	44

RESUMO

O *Pinus taeda* L. é a espécie mais importante e a mais cultivada no sul e sudeste dos Estados Unidos e é considerada uma das mais importantes espécies florestais plantadas do mundo. No sul do Brasil, a espécie é amplamente utilizada, com mais de 1 milhão de hectares plantados. Na Região de Arapoti (PR), a atividade florestal exerce um importante papel sócio-econômico, onde o gênero *Pinus*, com destaque para o *P. taeda*, movimenta indústrias dos mais diversos setores. Sua adaptação à região é comprovada pela produção de sementes férteis, e com um crescimento satisfatório em termos de volume de madeira por hectare. Desse modo, o melhoramento da espécie deve ser contínuo, para aumentar a produtividade em termos de volume de madeira. Este trabalho teve como objetivos: estudar a interação genótipo x ambiente da espécie através da correlação genética entre locais; avaliar geneticamente e selecionar indivíduos para o estabelecimento de uma População Selecionada de tamanho efetivo populacional (N_e) igual a 50; estimar parâmetros genéticos e ganhos esperados com o estabelecimento de um Pomar Clonal de Sementes composto por 20 indivíduos com maiores valores genéticos. Assim, foi estabelecida na Região de Arapoti (PR), uma rede experimental composta por testes combinados de procedências e progênies (152 progênies de cinco diferentes procedências), formando delineamento de blocos ao acaso com cinco a dez repetições e parcelas lineares de seis plantas, no espaçamento de 3 m x 2 m. As 12.384 plantas foram avaliadas para os caracteres DAP, altura e volume em idades compreendidas entre 6 e 7 anos. Os componentes de variância, parâmetros genéticos e valores genéticos, foram estimados e preditos pelo procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada) ao nível de indivíduos, realizando a análise univariada por local e a multivariada para os três locais. Os altos valores de correlação genética entre locais indicaram uma baixa interação genótipo x ambiente. Considerando o caráter volume de madeira, os valores genotípicos indicaram que a procedência da empresa Braskraft foi superiores às demais. Foram detectadas variações genéticas significativas entre e dentro de progênies para os caracteres avaliados. Aplicando o procedimento REML/BLUP para a seleção dos 20 melhores indivíduos, visando o estabelecimento de Pomar Clonal de Sementes (PCS), encontrou-se uma estimativa de ganho genético para volume de madeira de 73,0%, elevando a produção volumétrica de 0,0992 m³ sólidos com casca por árvore para 0,1720 m³ sólidos com casca por árvore. Esses resultados revelaram um grande potencial do material genético em teste para melhoramento, permitindo a seleção dos melhores indivíduos em termos de valores genéticos aditivos preditos, para todos os caracteres estudados. A População Selecionada de tamanho efetivo populacional (N_e) igual a 50 foi estabelecida e otimizada com a seleção de 115 melhores indivíduos pelo procedimento REML/BLUP. Além disso, as altas correlações genéticas entre as características de crescimento sugerem que a seleção para um determinado caráter propiciará ganhos nos demais.

ABSTRACT

Pinus taeda L. is the most important species planted in the USA and is considered as one the most important species in the world. In the Southern of Brazil, the species is widely used and planted in more than 1 million hectares. The forest activity plays an important social-economic role in the economy of the regions around Arapoti, PR, where the *Pinus* genus serves as raw material to several different manufacture sectors. *P. taeda* stands out as well adapted to the locale, what is borne out by its production of fertile seeds, and with a satisfactory volume / hectare growth. Thus, the species breeding efforts must keep on being continuous in order to increase wood volume productivity. The present work has as objectives: to study the species genotype x environment interaction through the site genetic correlation; to genetically assess and select individuals in order to establish a Breeding Population of an effective population size (N_e) = 50; to estimate genetic parameters and expected gains with the establishment of a Clonal Seed Orchard comprised by the 20 individuals bearing the best genetic values. With that purpose it was established in Arapoti region an experimental network comprised of progeny / provenance combined trials with 152 progenies from 5 different provenances, in a randomized complete block design with 6-tree row plots and 5 to 10 replicates, spacings of 3m x 2m. DBH, height and volume of 12.384 plants were evaluated in ages between 6 to 7 years old. All the parameters were obtained by the REML/BLUP (restricted maximum likelihood/best linear unbiased prediction) procedure at the individual level, through univariate and multivariate analysis involving the three sites. The high values for the genetic correlation between sites indicated a low genotype x environment interaction. Considering the trait wood volume, the genotypic values indicated that provenance from company Braskraft was superior compared to the others. Significant genetic variations were detected amongst and inside progenies for the traits evaluated. Applying the REML/BLUP procedure to select the best 20 individuals in order to establish a Clonal Seed Orchard, the estimative of genetic gain in wood volume through the selection under the REML/BLUP procedure was of 73,0%, increasing volumetric yield from 0.0992 solid m³ per tree, outside bark, to 0.1720 solid m³ per tree, outside bark. Those results demonstrated the breeding potential of the genetic material under testing through the selection of the best individuals, in terms of predicted additive genetic values for all studied traits. The establishment and optimization of the Breeding Population indicated the selection of the best 115 individuals, for an effective population size (N_e)=50. Furthermore, the high genetic correlations between the growth traits suggest that the selection for a given trait would lead to gains on the others.

1. INTRODUÇÃO

O setor florestal brasileiro exerce um preponderante papel na sócio-economia nacional, gerando um PIB superior a US\$ 20 bilhões, o que equivale a 4% do PIB nacional, criando 2 milhões de empregos diretos e gerando divisas anuais da ordem de US\$ 4,5 bilhões, ou seja, 8% das exportações brasileiras.

No Brasil, a demanda crescente de matéria-prima pelo setor industrial fabricante de painéis, papel e moveis é atendida por mais de 1,8 milhões de hectares com pinus subtropicais, onde prevalecem o *Pinus taeda* e o *Pinus elliottii* (FREITAS, 1991). Apesar disso, para 2003 é projetado um déficit de 12,3 milhões de metros cúbicos de toras de Pinus na região sul do Brasil (SBS, 2003).

O uso do *P. taeda* tornou-se comum na região sul do Brasil, onde encontra condições edafo-climáticas favoráveis e boa adaptação, comprovado por sua abundante produção de sementes férteis e também quanto à resistência a geadas.

Quanto ao uso final da madeira, é comprovado o seu potencial de utilização nas diversas indústrias do ramo madeireiro e de celulose e papel, e vem substituindo com sucesso a madeira de *Araucaria angustifolia*, espécie nativa tradicionalmente utilizada na região.

A região de Arapoti, Jaguariaíva e Telêmaco Borba, no estado do Paraná, forma um importante pólo florestal, com ênfase na utilização da madeira nas indústrias de celulose, papel, madeira serrada, laminação, fábricas de móveis e mais recentemente MDF. O *P. taeda* é a principal espécie da região e o abastecimento desse pólo é realizado com a madeira produzida pelos reflorestamentos das empresas Inpacel Agroflorestal Ltda (IAF), Norske Skog Pisa e Klabin do Paraná, além dos plantios realizados por pequenos produtores florestais, incentivados por programas de fomento florestais desenvolvidos pelas empresas da região.

Um pólo florestal dessa magnitude necessita de plantios de florestas de qualidade, pela sua importância social e econômica e justifica a pesquisa visando material genético mais produtivo para o reflorestamento e que proporcione madeira de qualidade para os mais diversos usos.

O melhoramento genético florestal exerce um papel fundamental no sentido de aumentar a produtividade, qualidade da madeira e manutenção da sustentabilidade do sistema. Muitos são os métodos de se obter ganhos genéticos significativos

através de gerações. A exploração eficiente da variabilidade através da seleção de genótipos superiores é o principal fator para se obter o aumento de alelos favoráveis ao longo das gerações para as características de interesse.

Assim, o presente estudo tem como objetivos:

- a) Estudar a interação genótipo x ambiente visando seleção e implantação de um Pomar Clonal de Sementes (PCS) e da População Seleccionada, integrante do programa de melhoramento da espécie.
- b) Avaliar geneticamente e selecionar indivíduos de *P. taeda* para a região de Arapoti (PR), com base no volume, visando o estabelecimento de uma População Seleccionada de tamanho efetivo populacional (N_e) igual a 50.
- c) Estimar os parâmetros genéticos e ganhos esperados com a seleção dos 20 indivíduos com maiores valores genéticos para compor o Pomar Clonal de Sementes (PCS).

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 O GÊNERO PINUS

2.1.1 Características gerais

A família Pinaceae é a maior e mais importante da ordem Coniferae, abrangendo nove gêneros e duzentas e dez espécies. O gênero *Pinus* é o que mais se destaca nessa ordem, abrangendo muitas espécies, amplamente distribuídas pelo Hemisfério Norte até os países tropicais e subtropicais nas Índias Ocidentais, Arquipélago das Filipinas, Antilhas, Ilhas Bahamas, México, Guatemala, Honduras, Nicarágua, com maior ocorrência nos climas temperados, mas sem ultrapassar o Equador (ALMEIDA, 1991).

O gênero *Pinus* compreende noventa espécies agrupadas de acordo com as características organográficas (ALMEIDA, 1991). Segundo o mesmo autor, o gênero *Pinus* foi dividido nos seguintes subgêneros: *Haploxylon*, com os pinhos brancos, não resinosos e folhas penta-fasciculadas; e *Diploxylon*, que abrange os pinhos produtores de madeira mais clara, colorida, resinosa, com duas folhas na haste foliar.

2.1.2 Importância da espécie

O *P. taeda* é uma das espécies mais plantadas no mundo e a mais importante cultivada no sul e sudeste dos Estados Unidos (ZOBEL, 1982). A maior parte dos plantios concentra-se na Geórgia, com 37%, seguido pela Carolina do Sul, com 26%, Virginia, com 12% e Flórida com 3% (VENDRAME, 1994).

Segundo BYRAM (1999) o *P. taeda* ocupa nos Estados Unidos uma área total de 20,4 milhões de hectares, sendo 59% de florestas naturais (12,0 milhões de hectares) e 41% de florestas plantadas (8,4 milhões de hectares).

No Brasil, os plantios com este gênero totalizam aproximadamente 1,8 milhões de hectares, o que representa cerca de 33% do total de florestas plantadas no país (FIER, 2001).

Assim como nos Estados Unidos, a espécie é preferida para plantios no sudeste do Brasil, devido ao bom incremento volumétrico e ao menor teor de resina de sua madeira (SHIMIZU e HIGA, 1981).

Os programas de melhoramento com o *P. taeda* tiveram início no Brasil a partir dos anos 60 com a implantação de testes de procedências (ARAÚJO, 1980; SHIMIZU e HIGA, 1981).

2.1.3 Área de distribuição natural e habitat

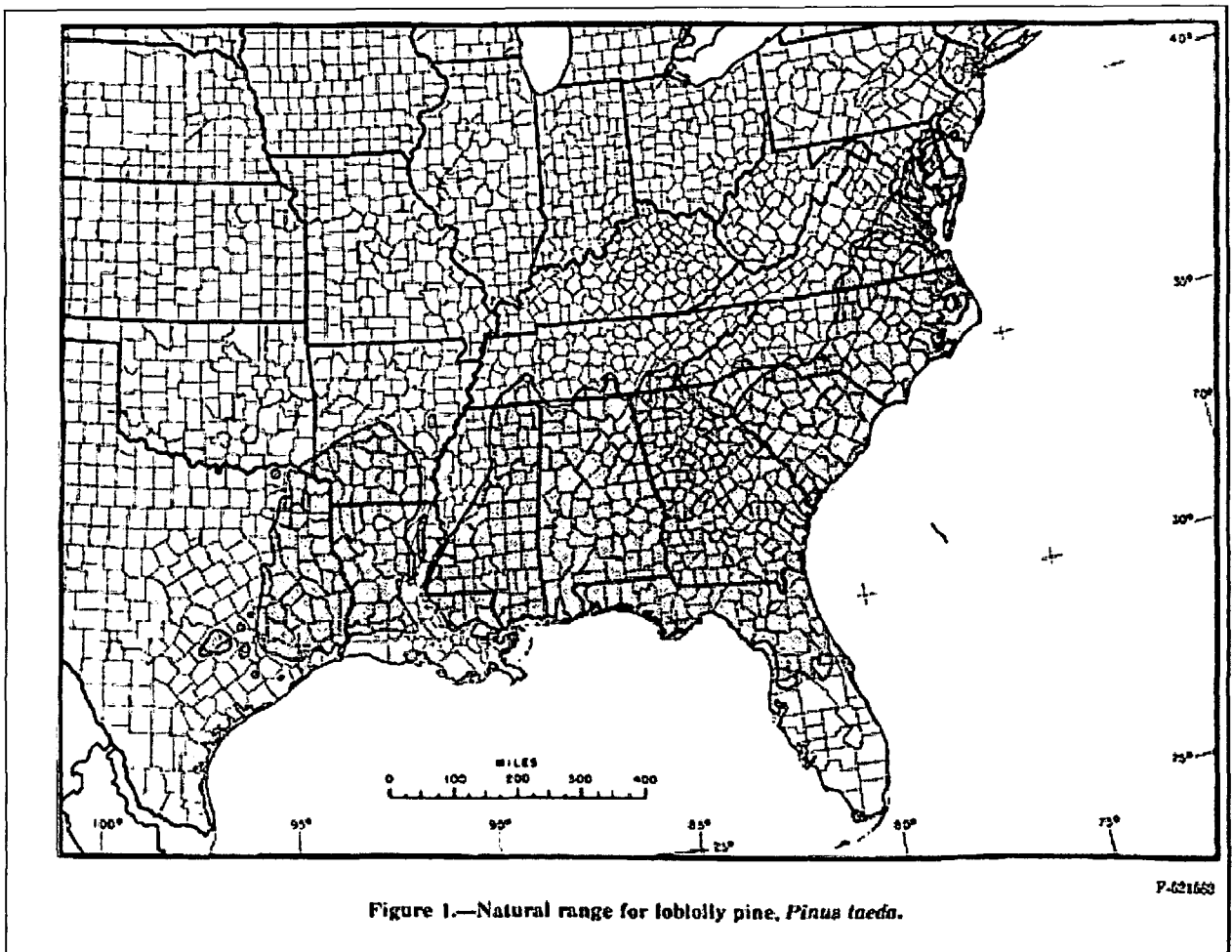
O *P. taeda*, também conhecido como “loblolly pine”, “arkansas pine”, “north caroline pine” e “olddield pine” é a espécie florestal comercial mais importante no sul dos Estados Unidos. Carolus Linnaeus deu a espécie o nome científico, onde “taeda” é a denominação antiga para pinheiros resinosos (BACKER e LANGDON, 1990).

É a espécie mais abundante, amplamente adaptada e distribuída do sul dos Estados Unidos. Sua ocorrência se estende ao longo da Costa Atlântica de Maryland até a Flórida no leste e do Texas e Oklahoma no oeste. O clima frio ao norte e o decréscimo de chuva a oeste, limitam sua ocorrência natural (DORMAN, 1976).

Ocorre em estado nativo em 14 estados americanos, principalmente onde o clima apresenta verões longos e quentes e invernos moderados. A precipitação média anual varia de 1000 a 1500 mm. As temperaturas anuais médias variam de 13° a 24° C (DORMAN, 1976).

Esta espécie tem se adaptado quando plantada em faixas periféricas à sua região de origem e mostrado diferente comportamento em outros continentes (BACKER e LANGDON, 1990).

FIGURA 1 – ÁREA DE DISTRIBUIÇÃO NATURAL DO *P. taeda* (DORMAN, 1976).



2.1.4 Clima

O clima da maioria das formações naturais do *P. taeda* é úmido, com temperaturas variando de quentes a amenas, verões longos e quentes e invernos intermediários. A precipitação média anual varia de 1020 a 1520 mm. O período livre de geadas varia de cinco meses na região norte a dez meses na região costeira, no sudeste. A temperatura média anual varia de 13° a 24° C. A temperatura média do mês mais quente (julho) é de 27° C e frequentemente excede 38° C. A temperatura média do mês mais frio (janeiro) é de 4° a 16° C, podendo cair a -23° C no norte e a oeste de sua área de ocorrência. Ocasionalmente ocorrem muitos dias de chuva com mais de 13 mm ao dia e temperaturas altas no inverno. O principal fator que limita a ocorrência da espécie ao norte é provavelmente as baixas temperaturas no

inverno, associadas com danos pela neve, gelo e ainda danos pelo frio durante o período de florescimento da espécie. A falta de uma adequada precipitação no período de crescimento é provavelmente o fator que limita a ocorrência natural da espécie na região oeste, nos estados de Oklahoma e Texas (BACKER e LANGDON, 1990).

2.1.5 Solos

Seu melhor crescimento ocorre em solos moderadamente ácidos com pouca drenagem superficial e camada superficial de textura média. Estes solos são comuns nas regiões mais elevadas da Planície Costeira Atlântica e também nas planícies alagadas e terraços de córregos e rios. Não crescem bem, entretanto, em locais muito molhados ou alagados, assim como em áreas com solos rasos ou erodidos. Na Planície Costeira Atlântica, a produtividade geralmente decresce com o aumento da drenagem superficial (BAKER e LANGDON, 1990).

2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO FLORESTAL

O melhoramento genético de espécies florestais é uma ciência relativamente nova e uma das mais valiosas estratégias para o aumento da qualidade e da produtividade de espécies cultivadas pelo homem, de forma sustentável e ecologicamente equilibrada.

O melhoramento genético florestal é uma ferramenta adicional da silvicultura, que lida com a construção do fenótipo e do genótipo das árvores usadas nas operações florestais (ZOBEL e TALBERT, 1984). Esta ciência começou a ter maiores desenvolvimentos a partir de 1950 (WRIGHT, 1976). As primeiras espécies a serem melhoradas em larga escala foram provavelmente *P. elliotii* e *P. taeda*, nos Estados Unidos, e *Acacia mearnsii* (acácia-negra) na África do Sul (WRIGHT, 1976).

Segundo STEENBERG (1983), o sucesso de um programa florestal com exóticas depende do uso correto das procedências das espécies a serem plantadas.

Do mesmo modo, ZOBEL et al. (1987), relatam que os programas de melhoramento com espécies exóticas devem considerar as variações geográficas, ou como é comumente chamada, variações entre procedências. No sul Brasil,

ganhos significativos em volume foi verificado em um estudo com diferentes procedências de *P. taeda* plantados em Irati (PR) e Três Barras (SC), apenas com a escolha das procedências adequadas (SHIMIZU e HIGA, 1981).

No Brasil, o melhoramento florestal apresentou maiores desenvolvimentos a partir de 1967, com a implantação da lei dos incentivos fiscais ao reflorestamento (FERREIRA, 1983). Desde este período, o melhoramento tem contribuído muito para a silvicultura intensiva no País, que possuía em 1991, cerca de 6,2 milhões de hectares de florestas plantadas (FREITAS, 1991).

A utilização de sementes florestais de procedências selecionadas e melhoradas geneticamente, juntamente ao uso de novos equipamentos desenvolvidos especificamente para o estabelecimento de florestas, bem como técnicas silviculturais intensivas elevou a produtividade média para índices atuais superiores a 30 m³/ha.ano. Produtividades superiores a 45 m³/ha.ano podem ser observadas em plantações clonais de eucalipto situadas nas regiões tropicais e sem déficit hídrico pronunciado (HIGA, 1995).

Neste contexto, o melhoramento florestal prioriza caracteres como o crescimento em volume, a forma do fuste, a uniformidade das árvores, e a produção de madeira de alta qualidade. Todas essas variáveis contribuem para aumentar o valor do produto final e, desta forma, melhorar a rentabilidade do empreendimento, ou seja, a relação custo/benefício.

O melhoramento genético do *P. taeda* é executado principalmente por empresas privadas com o apoio de instituições públicas de pesquisa. Estes programas têm empregado novas técnicas de seleção baseado em programas computacionais específicos.

2.3 GERMOPLASMA PARA SELEÇÃO

O objetivo do melhoramento é o aumento contínuo da freqüência dos alelos favoráveis. Para tanto, o melhorista deve iniciar o programa com uma população-base com alta média para o caráter de interesse e uma ampla variabilidade genética. Assim, a seleção da população-base é uma etapa importante para a escolha de

fontes de semente para plantios comerciais e também para a escolha do germoplasma base para a seleção (RESENDE, 2002a).

Esta etapa deve basear-se no estabelecimento de testes de procedências para inferir sobre a média populacional, ou testes combinados de procedências e progênies (como no presente estudo) para inferir sobre a média populacional e variabilidade genética (RESENDE, 1999).

Segundo FERREIRA e ARAÚJO (1981), o termo procedência indica a localização geográfica das árvores ou povoamentos fornecedores de material genético reprodutivo, ou seja, população de árvores de um determinado local.

2.4 SELEÇÃO

O termo seleção é definido como a reprodução diferencial dos diferentes genótipos na natureza, também conhecida como seleção natural ou sob a intervenção do homem, baseada em critérios definidos pelo próprio melhorista (RESENDE, 2002a).

De acordo com RESENDE (2002a), a seleção atua promovendo a alteração das frequências alélicas nos locos que controlam o caráter sob seleção, conduzindo a uma alteração na média genotípica da população, na direção desejada. Na prática o melhorista atua nas etapas de predição do valor genético dos indivíduos e toma decisão sobre a melhor forma de utilização dos indivíduos com os maiores valores genéticos preditos.

A avaliação genética dos candidatos à seleção é um processo fundamental no melhoramento genético de plantas. Em plantas perenes, a seleção propriamente dita deve basear-se nos valores genéticos aditivos (quando o interesse é a propagação sexuada dos indivíduos selecionados) e genotípicos (quando o interesse é a propagação assexuada dos indivíduos selecionados) preditos de todos os indivíduos avaliados em campo. As técnicas ótimas de avaliação genética envolvem simultaneamente a predição de valores genéticos e a estimação de componentes de variância, sob modelos estatísticos em nível de indivíduos através do procedimento REML/BLUP (RESENDE, 2002a).

A partir da avaliação experimental, a seleção deve basear-se tanto em componentes de médias, quanto em componentes de variância. Idealmente, deve

ser selecionado material genético com elevada média e ampla variabilidade genética, que deverá propiciar ganhos contínuos com seleção ao longo de várias gerações.

Na identificação do germoplasma a ser melhorado deve ser considerado também o ambiente em que se deseja desenvolver a produção florestal. Assim, é necessário o estabelecimento de uma rede experimental amostrando toda a diversidade ambiental associada aos locais de plantio.

2.4.1 Métodos de seleção

Os métodos de seleção aplicáveis às espécies perenes podem ser classificados quanto às unidades de seleção e quanto ao procedimento de predição de valores genéticos. Quanto à unidade de seleção, os métodos podem ser adotados dentro do estrato bloco (quando a produção de sementes se dá através dos pomares de sementes por mudas) ou no experimento (seleção para a população selecionada ou para pomares clonais de sementes). Inúmeros métodos univariados e multivariados podem ser adotados (RESENDE 2002a), devendo ser escolhido o melhor para cada caráter em particular. De maneira geral, os métodos mais eficientes são aqueles baseados em índices de seleção incluindo informações de parentes (WHITE e HODGE, 1989; RESENDE e HIGA, 1994; RESENDE, 2002a).

Quando diferentes critérios de seleção são considerados, a predição de ganhos para cada critério tem grande importância, pois orienta os melhoristas como utilizar o material genético disponível da melhor maneira possível, visando a obtenção de ganhos máximos para as características de interesse.

A seleção direta é a maneira mais fácil e prática de obter ganhos para uma única característica, sendo a resposta à seleção direta a modificação na média original de um caráter da população, em consequência da seleção praticada no próprio caráter (PAULA, 1997). Várias expressões são utilizadas para o cálculo da resposta à seleção direta, citadas por EBERHART (1979); VENCOVSKY (1987); VENCOVSKY e BARRIGA (1992); CRUZ e REGAZZI (1994) e RESENDE (2002a).

Um dos inconvenientes da seleção direta é o fato do melhoramento visar sempre a melhoria de múltiplos caracteres e não de apenas um. Um outro fator não

menos importante é que ao realizar a seleção para um determinado caráter, pode ocorrer modificações em outros.

À modificação na média de um caráter, ocasionado pela seleção de um outro a ele associado, dá-se o nome de resposta indireta à seleção. Assim como para a seleção direta, várias são as expressões que descrevem o progresso genético advindo da seleção indireta (CRUZ e REGAZZI, 1994).

Quando o objetivo é a seleção individual, muitos efeitos podem ser considerados, como efeito do indivíduo, da média da parcela, da média do bloco e o da média da família dentro de um experimento.

De acordo com RESENDE (2000), o método do índice multi-efeitos pode ser utilizado eficientemente na seleção envolvendo experimentos com alta taxa de sobrevivência e balanceados. Nos demais casos o procedimento BLUP individual tende a ser mais acurado.

Para o gênero *Eucalyptus*, RESENDE e BERTOLUCCI (1995) e RESENDE et al. (1995), mostraram que a seleção pelo índice multi-efeitos foi sempre superior à seleção combinada nos seguintes aspectos: maior ganho genético, maior a acurácia, maior tamanho efetivo populacional e maior intensidade de seleção realizada.

SAMPAIO (1996) comparou a seleção individual e combinada com a seleção pelo índice multi-efeitos para três espécies de *Pinus*, concluindo que esta última é mais eficiente, por considerar frações da variância genética aditiva retida nos efeitos de parcelas e de blocos. Assim, os ganhos genéticos em volume tanto para pomar clonal de sementes (PCS), como para pomar de sementes por mudas (PSM) seriam maximizados.

2.4.2 Idade de seleção

A eficiência dos programas de melhoramento deve ser medida pelo ganho genético por unidade de tempo. Uma grande limitação ao progresso nos programas de melhoramento tem sido o tempo necessário para, de uma forma segura, avaliar uma progênie. O teste de progênies, ou seja, a determinação dos valores dos indivíduos parentais e de suas progênies estabelecidas em testes, é uma atividade que resulta em um alto custo e uma grande demanda de tempo nos programas de melhoramento (KAGEYAMA, 1980).

A seleção pode ser realizada na idade de corte de uma árvore, ou seja, é necessário todo o intervalo de uma geração para que a seleção seja executada. No outro extremo, a seleção poderia ser efetuada em mudas ou árvores em idades muito jovens, mas é muito pouco provável que a performance de uma determinada família nessa idade precoce seja a mesma de quando ela atinge a maturidade. O problema, então, consiste em determinar qual a idade mais adequada para se realizar a seleção, de modo que a taxa de ganho genético por ano seja otimizada. Esta decisão tem uma grande consequência para a maximização do ganho genético nos programas de melhoramento florestal.

A utilidade da seleção precoce baseada nas correlações entre idades, no aumento das taxas de ganho genético tem sido demonstrada por vários autores (MC KEAND, 1988; COTTERIL e DEAN, 1988).

GAPARE (1999) encontrou alta correlação genética entre as idades de 5 e 8 anos para a característica diâmetro em *P. maximinoi*, indicando a possibilidade de seleção precoce para esta característica. Segundo o autor, este resultado tem importância na redução do intervalo entre as gerações de melhoramento, aumentando as respostas à seleção com base em unidades de tempo.

Segundo FIER (2001), uma maior eficiência na seleção em *P. maximinoi* foi verificada aos 5 anos de idade, comparando-se à seleção aos 8 anos.

Estimativas de correlações genéticas idade x idade em inúmeros testes de progênies do gênero *Pinus* estabelecidos pela CAMCORE em todo o mundo, indicam que existe uma forte correlação (0,80 a 0,95) entre as idades 5 e 8 anos, para os caracteres DAP, altura e volume (FERREIRA e HODGE, 2002).

2.5 INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE

A alteração na performance relativa dos genótipos, em virtude de diferenças de ambiente, denomina-se interação genótipo x ambiente. Essa interação é um importante e desafiante fenômeno para melhoristas que atuam nos testes comparativos e na seleção. Quanto maior a diversidade genética entre os genótipos e entre os ambientes, de maior importância será a interação genótipo x ambiente (BOREM, 1997). A primeira preocupação que se deve ter ao iniciar um programa de melhoramento é definir se o objetivo é o desenvolvimento de genótipos produtivos

em um amplo espectro de ambientes ou de um genótipo altamente adaptado a ambientes específicos. No primeiro caso, deve-se preferir situações de pequena interação genótipo x ambiente e, no segundo, de grande interação (ALLARD e BRADSHAW, 1964).

2.6 PARÂMETROS GENÉTICOS

2.6.1 Importância

Os parâmetros genéticos são valores numéricos que permitem fazer inferências sobre a estrutura genética de uma população e variam para diferentes características, populações e idades diferentes. Nos programas de melhoramento florestal, os parâmetros genéticos de maior importância são as variâncias genéticas e seus componentes aditivos e não aditivos, o coeficiente de herdabilidade, tanto no sentido amplo como restrito e as correlações genéticas entre características. Nas espécies florestais, estas estimativas podem ser obtidas a partir de dados coletados em testes de progênies, bem como, em testes combinados de procedências e progênies.

A maioria dos fenômenos genéticos envolvidos nos trabalhos de melhoramento genético podem ser explicados pela genética quantitativa (VENCOVSKY, 1987). Assim, a estimação de parâmetros genéticos propicia a obtenção de informações sobre a natureza da ação genética envolvida na herança dos caracteres, fornecendo a base para avaliação e predição dos ganhos genéticos a curto, médio e longo prazo.

O mesmo autor ainda menciona que o sucesso de um esquema seletivo de plantas vai depender da quantidade de variação genética, sobretudo, do valor relativo desta, e os efeitos não genéticos, originando o valor fenotípico. Salienta ainda, que em qualquer ensaio existem diferentes componentes na variação de um caráter: variação entre plantas dentro das parcelas; variação devido às diferenças ambientais entre parcelas e a variação devido às diferenças genéticas entre tratamentos e progênies.

A manifestação do genótipo de um indivíduo é resultante da contribuição trazida pelos gametas e de um efeito da combinação de dois gametas específicos

que o originariam (VENCOVSKY, 1969). O genótipo pode ser avaliado a partir de mensurações realizadas nos seus fenótipos, onde o seu desempenho representa o valor genotípico no ambiente que ocupa. Dessa forma, o valor de um genótipo pode ser definido como o seu valor fenotípico médio quando os genótipos se desenvolvem em diversos ambientes (DUDLEY e MOLL, 1969).

Segundo FALCONER (1996), as estimativas de parâmetros genéticos, como por exemplo, as variâncias genéticas e ambientais, são utilizadas para calcular a herdabilidade, que mede o grau de controle genético de uma característica.

A decisão de quais caracteres devem ser incluídos na seleção depende de uma série de fatores, tais como: o valor econômico dos caracteres, o custo de sua medição, o potencial de resposta à seleção, e a direção e magnitude das mudanças que vão ocorrer em um caráter, como resposta à seleção em outro. O conhecimento destas mudanças requer a estimativa de vários parâmetros genéticos, incluindo os níveis de variação genética e fenotípica, herdabilidades e correlações genéticas entre os caracteres (WILLIAMS e MATHESON, 1995).

2.6.2 Variância fenotípica e genotípica

As progênes obtidas de cruzamentos não controlados, onde somente a mãe é conhecida são consideradas como famílias ou progênes de meios-irmãos, embora em algumas espécies possa ocorrer alguma frequência de endogamia. Quando ambos os pais são conhecidos, em delineamentos de polinização controlada, são produzidas famílias ou progênes de irmãos completos ou germanos.

Nos testes de progênes são estimados diferentes componentes de variação de um caráter: variação entre plantas dentro de uma parcela (σ^2_d); variação devido às diferenças ambientais entre parcelas (σ^2_e) e a variação genética devido às diferenças entre as progênes (σ^2_p).

A expressão genotípica de um indivíduo resulta da soma dos efeitos genéticos aditivos, de dominância e epistáticos, dos quais, segundo VENCOVSKY (1969 e 1987), o parâmetro mais importante a considerar é o que corresponde à variância genética aditiva (σ^2_A), pois ela contribui plenamente para a resposta à seleção.

Os parâmetros genéticos são derivados das estimativas de variância entre e dentro de famílias. Esses parâmetros são as mais importantes ferramentas para programas de melhoramento, sendo usados em: predição dos valores genéticos dos indivíduos parentais, desenvolvimento da estratégia de melhoramento, construção de índices de seleção, delineamento de pomares de sementes e quantificação de eficiência da seleção precoce (ZOBEL e TALBERT, 1984).

2.6.3 Herdabilidade

A herdabilidade é o quociente entre a variância genética e a variância total e fornece uma estimativa do quanto da variação fenotípica total está sob controle genético (FALCONER, 1987). O controle genético pode ser separado em dois componentes: a variância genética aditiva e a não-aditiva, e a herdabilidade pode ser estimada no sentido amplo ou restrito. No sentido amplo, é a proporção entre a variância genética total e a variância fenotípica. No sentido restrito, é a proporção entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica.

Nos programas de melhoramento baseados na reprodução sexuada, é empregada a herdabilidade no sentido restrito, já que ela reflete o ganho que pode ser obtido através da recombinação sexuada. Nos programas onde se usa a propagação clonal, a herdabilidade no sentido amplo é utilizada para calcular o quanto de ganho genético pode ser obtido pela reprodução do genótipo como um todo por clonagem.

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 e ZED, 1980).

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).

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 e 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 prevêm as várias respostas à seleção em diferentes situações e ambientes e demonstram uma variação de magnitudes. Os mesmos autores, estudando famílias de irmãos germanos de *P. taeda* no sul do Brasil, encontraram valores de herdabilidades no sentido restrito de magnitudes elevadas (0,60) para as características de crescimento para idades de 4 a 15 anos.

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

CARACTERÍSTICA	ESPÉCIE	IDADE (ANOS)	h^2	REFERÊNCIA
Altura	<i>P. taeda</i>	25	0,18	BALOCCHI et al. (1993)
Altura	<i>P. taeda</i>	1	0,11	PAUL et al. (1997)
Altura	<i>P. taeda</i>	2	0,26	PAUL et al. (1997)
Altura	<i>P. taeda</i>	3	0,29	PAUL et al. (1997)
Altura	<i>P. taeda</i>	4	0,37	PAUL et al. (1997)
Altura	<i>P. taeda</i>	5	0,26	PAUL et al. (1997)
Altura	<i>P. palustris</i>	5	0,18	ZOBEL et al. (1984)
Altura	<i>P. palustris</i>	7	0,12	ZOBEL et al. (1984)
Altura	<i>P. patula</i>	5	0,10	NYOKA et al. (1994)
Altura	<i>P. patula</i>	8	0,03	NYOKA et al. (1994)
DAP	<i>P. caribaea</i>	8	0,48	Cotterill et al. (1990)
DAP	<i>P. taeda</i>	5	0,14	PAUL et al. (1997)
DAP	<i>P. patula</i>	5	0,11	NYOKA et al. (1994)
Volume	<i>P. taeda</i>	5	0,14	PAUL et al. (1997)
Volume	<i>P. patula</i>	8	0,13	NYOKA et al. (1994)
Volume	<i>P. caribaea</i>	5	0,18	RESENDE et al. (1995c)
Volume	<i>P. caribaea</i>	5	0,30	SAMPAIO et al. (2000)

Fonte: FIER (2001) e RESENDE (2002a).

2.6.4 Variância das estimativas dos parâmetros genéticos

Segundo RESENDE (2002a) estimativas precisas de parâmetros genéticos são imprescindíveis aos procedimentos de predição de valores genéticos. Relata ainda, que os índices baseados em vários caracteres são muito menos robustos, conduzindo a piores resultados do que a seleção baseada em um só caráter,

quando as estimativas de correlação genética não são precisas. RESENDE e ROSA-PEREZ (1999a) relatam ainda que desvios-padrões da ordem de até 20% do verdadeiro valor da herdabilidade seriam aceitáveis para uso na predição de valores genéticos.

2.6.5 Correlações entre caracteres

As correlações são medidas padrão da covariância entre dois caracteres e podem ser estimados fenotípica ou geneticamente. As correlações fenotípicas são causadas por uma combinação entre covariâncias genéticas e ambientais. A covariância genética é devida aos efeitos pleiotrópicos, onde alguns genes apresentam um efeito sobre um ou mais caracteres (FALCONER, 1996).

O coeficiente de correlação genética mede o grau de associação genética entre dois caracteres quantitativos em uma determinada população (WILLIAMS e MATHESON, 1995).

Segundo VENCOSKY (1978), quando ocorrem correlações genéticas e fenotípicas positivas e de alta magnitude entre dois caracteres, os mesmos podem ser considerados como uma única seleção, sem grande prejuízo para qualquer dos caracteres. As correlações não significativas indicam a independência entre caracteres. As correlações negativas altas podem prejudicar a seleção simultânea.

As correlações altas e positivas entre os caracteres de crescimento são citadas por diversos autores como KAGEYAMA (1980), MORAES (1987), STURION (1993), SAMPAIO (1996), FIER (2001), entre outros.

2.7 PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS

O uso dos valores genéticos em programas de melhoramento genético foi descrito por vários autores (LINDGREN, 1986; WHITE, 1987). Nestes trabalhos, estes autores enfatizam a importância da predição precisa e acurada dos valores genéticos em um programa de melhoramento florestal. A precisão e a acurácia dos valores genéticos aumentam os ganhos, diminuindo as possibilidades de erro na seleção. Apenas os indivíduos com altos valores genéticos devem ser incorporados na população de produção de sementes.

Os valores genéticos são estimados através da utilização de todas as informações disponíveis a respeito dos indivíduos que serão submetidos à seleção. Essas informações podem ser avaliações repetidas no mesmo indivíduo em vários estágios de seu desenvolvimento, avaliações provenientes de seus parentes, ou avaliações de outros caracteres no indivíduo e em seus parentes (RESENDE e HIGA, 1994).

Em plantas perenes, a seleção deve ser baseada nos valores genéticos aditivos preditos de todos os indivíduos avaliados em campo, quando o interesse é a propagação sexuada dos indivíduos selecionados. (RESENDE, 2002a).

O procedimento ótimo e padrão para a predição dos valores genéticos é o BLUP (melhor predição linear não viciada) individual, usando estimativas de componentes de variância obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), sob modelo individual (RESENDE, 2002a).

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 de 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, 2002b).

2.8 HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIA E CORREÇÃO DE DADOS PELO DESVIO PADRÃO FENOTÍPICO

Segundo RESENDE (2002a), é recomendável a padronização de dados experimentais, quando na análise estiverem envolvidos vários experimentos ou mesmo de diferentes idades.

De acordo com o mesmo autor, a divisão de cada observação pelo desvio padrão fenotípico do respectivo bloco ou da idade em questão também é uma forma eficiente de padronização e correção para a heterogeneidade de variância.

Esta padronização se faz necessária para tirar o efeito do tamanho dos números dos caracteres analisados.

2.9 TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL

O tamanho efetivo populacional (N_e) deve ser sempre considerado nos programas de melhoramento, principalmente no longo prazo. Assim, para evitar riscos de perda de alelos favoráveis, implica na manutenção de um N_e compatível (RESENDE, 1999).

Existem procedimentos que otimizam a seleção para composição da População Seleccionada, considerando simultaneamente os valores genéticos dos indivíduos candidatos à seleção, o progresso genético, o tamanho efetivo e a endogamia potencial (RESENDE et al. 1995).

Segundo RAWLINGS (1970), um N_e em torno de 30 seria adequado para a maioria dos sistemas genéticos. Já, PEREIRA e VENKOVSKY (1988) afirmam que um N_e de 30 a 60 seria adequado. De acordo com RESENDE (2002a), o tamanho efetivo compatível situa-se ao redor de 50.

RESENDE e VENCOSKY (1990) relatam que a amostragem de cerca de 20 famílias de polinização aberta não aparentadas é suficiente para capturar alelos com frequência \geq a 5%.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 ESCOLHA DO LOCAL DE INSTALAÇÃO DOS TESTES

Os testes combinados de procedências e progênes foram estabelecidos nas áreas pertencentes à Inpacel Agroflorestal Ltda (IAF), em áreas com solos que representassem o ambiente dos futuros plantios comerciais. A princípio, foram definidas duas fazendas (São Nicolau e Cinzas) para o estabelecimento dos ensaios, em função da representatividade dos solos no contexto da empresa e das exigências da espécie. A estratégia foi a de ocupar os solos mais pobres e rasos com o *P. taeda* e os solos férteis e profundos com o eucalipto.

Devido ao grande número de progênes a serem testadas, decidiu-se por separar os testes em dois para cada local, a fim de conseguir uma maior homogeneidade ambiental dentro dos blocos. Assim, foram estabelecidos dois ensaios na fazenda São Nicolau em 1993 (testes 321 A e 321 B, avaliados no ano 2000) e dois na fazenda Cinzas em 1996 (testes 330 e 331, avaliados no ano 2002).

No ano de 1996, após o estabelecimento dos testes na fazenda Cinzas, um quinto teste foi instalado com o restante das mudas de parte das progênes num terceiro ambiente, na fazenda Matarazzo (teste 326), por apresentar um solo mais pobre em relação aos demais e ser considerado apto para plantios do *P. taeda*.

A vegetação anterior ao plantio era de reflorestamento com *P. taeda* na fazenda São Nicolau e mata de cerrado nas demais fazendas. As mudas foram produzidas no viveiro florestal das IAF, em Arapoti (PR), por semeadura direta em tubetes, com substrato à base de casca de pinus e vermiculita.

O solo foi preparado com subsolagem a cerca de 60 cm de profundidade, sem fertilização e as mudas foram plantadas aos oito meses após semeadura, quando tinham aproximadamente 20 cm de altura. Foi adotado um espaçamento de 3,0 m x 2,0 m, com bordadura dupla ao redor do experimento.

3.2 CARACTERIZAÇÃO EDAFO-CLIMÁTICA DA REGIÃO

As áreas em estudo estão localizadas nos Municípios de Arapoti e Jaguariaíva, região conhecida como "Norte Pioneiro" do Paraná. O clima é

caracterizado como Cfb de acordo com a classificação de Köppen. Suas principais características são de clima mesotérmico, úmido, sem estação seca definida, máxima temperatura mensal em torno de 22°C e mínima de 18°C. A temperatura média anual é de cerca de 21°C. A região apresenta diferenças com relação à precipitação média anual (de 1.450 mm a 1.650 mm) e o relevo varia de suave a montanhoso. De acordo com a EMBRAPA (1999), a área caracteriza-se pela grande diversidade em relação à formação geológica e solos. Os principais grupos são: “Itararé”, predominando o Cambissolo de textura média-arenosa a média-argilosa; “Guatá”, com predominância de Latossolo Vermelho Escuro de textura argilosa a muito argilosa; “Paraná - formação Ponta Grossa”, onde os principais solos são Latossolo Vermelho Escuro e Cambissolo, ambos de textura argilosa; e, “Paraná - formação Furnas”, com predominância de Latossolo Vermelho Amarelo e Podzólico Vermelho Amarelo, de textura média a argilosa. A caracterização das regiões de instalação dos experimentos está representada na Tabela 2.

TABELA 2 – CARACTERIZAÇÃO DAS REGIÕES DE INSTALAÇÃO DOS EXPERIMENTOS NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

TESTES	LOCAL	LATITUDE sul	LONGITUDE oeste	ALTITUDE (m)	PRECIPITAÇÃO (mm)	TIPO DE SOLO
321A e 321B	S. Nicolau	24°13'54"	50°01'14"	850	1432	Cambissolo
330 e 331	Cinzas	24°18'27"	49°57'10"	755	1432	Latossolo vermelho- amarelo
326	Matarazzo	24°16'30"	49°42'05"	900	1749	Latossolo vermelho- amarelo

FONTE: (DEMATTE e DEMATTE, 2001)

3.3 GERMOPLASMA

O germoplasma utilizado na implantação dos testes de procedências e progênies são famílias de polinização aberta (meios-irmãos) e sua seleção bem como a coleta de sementes foi realizada em várias empresas do Sul do Brasil e fazia parte do “Programa de Melhoramento de Pinus Subtropicais, conduzido pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais – IPEF, da Universidade de São Paulo. As empresas em que o material genético foi selecionado e coletado (neste trabalho

consideradas procedências) foram: Klabin do Paraná, no município de Telêmaco Borba (PR), Braskraft (ex Pisa e atualmente NORSKE-SKOG), em Jaguariaíva (PR), PCC, em Correia Pinto (SC) e Manville (ex IGARAS e atualmente Klabin SC), em Otacílio Costa (SC). Como testemunha foi utilizada semente coletada na região de Arapoti, de área de coleta de sementes (ACS) da IAF. Esta coleta foi realizada em plantios comerciais de semente originada da Geórgia, Estados Unidos (Tabela 3).

TABELA 3 – CARACTERIZAÇÃO DAS REGIÕES DE COLETA DAS PROCEDÊNCIAS DE *P. taeda* TESTADAS NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

PROCEDÊNCIAS	NÚMERO DE PROGÊNIES	LATITUDE Norte	LONGITUDE Oeste	ALTITUDE (m)	PRECIPITAÇÃO (mm)
1 Klabin	98	24°16'10"	50°38'25"	780	1.473
2 Braskraft	29	24°16'30"	49°42'05"	900	1.749
3 PCC	17	27° 08'14"	50° 28'10"	920	1.464
4 Manville	7	27° 31'12"	50° 04'17"	850	1.464
5 IAF	1	24°13'54"	50° 01'14"	850	1.432

3.4 DELINEAMENTO EXPERIMENTAL E COLETA DE DADOS

O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso, com 5 a 10 repetições e parcelas lineares de 6 plantas. Nos cinco testes de progênies foram mensurados a altura total da árvore (altura) e o diâmetro com casca (DAP). A partir desses foi estimado o volume total de madeira da árvore (volume) por uma das equações utilizadas pela IAF.

$$VOL(m^3) = e^{-10,066872 + 1,772299 * LN(DAP) + 1,200033 * LN(ALT)}$$

e: base do logaritmo natural (LN)

onde o volume é expresso em metros cúbicos, o DAP em centímetros e altura é a altura total expressa em metros.

Informações sobre o número de progênies por procedência, número de repetições, total de árvores por experimento nas três fazendas, bem como a idade de medição para DAP e altura estão detalhadas na Tabela 4.

TABELA 4 – NÚMERO DE REPETIÇÕES, NÚMERO DE PROGÊNIES POR PROCEDÊNCIA, TOTAL DE ÁRVORES POR EXPERIMENTO E IDADE DE AVALIAÇÃO PARA OS CINCO EXPERIMENTOS, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

FAZENDAS	EXPERIMENTO	NÚMERO DE REPETIÇÕES	NÚMERO DE PROGÊNIES					TOTAL DE ÁRVORES	IDADE DE AVALIAÇÃO
			K	B	P	M	I		
São Nicolau	321 A	5	64	0	1	0	1	1.980	7,0
São Nicolau	321 B	5	23	28	9	5	1	1.980	7,0
Cinzas	330	10	30	6	16	5	1	3.480	6,5
Cinzas	331	10	48	1	0	0	1	3.000	6,5
Matarazzo	326	6	45	4	3	1	1	1.944	6,0

NOTAS: K = Klabin; B = Braskraft; P = PCC; M = Manville; I = IAF

Os experimentos 321 A e 321 B estabelecidos na Fazenda São Nicolau possuem progênies diferentes. A mesma observação é válida para os experimentos 330 e 331, da fazenda Cinzas. O experimento 326 foi estabelecido com as 54 das 152 progênies que possuíam mudas suficientes para o plantio na data de instalação.

3.5 PADRONIZAÇÃO DE DADOS PELO DESVIO PADRÃO FENOTÍPICO

Por motivo de diferenças de idade entre os testes, foram realizadas padronizações de dados em que, para cada local, os valores de cada caráter foram divididos pelos respectivos desvios-padrões fenotípicos, gerando assim novos dados, denominados “padronizados”. Os desvios-padrões fenotípicos (σ_F) para cada variável e local estão representados na Tabela 5. Esta metodologia foi utilizada para comparar com a seleção com dados “não-padronizados”.

TABELA 5 – DESVIOS-PADRÕES FENOTÍPICOS CALCULADOS PARA CADA CARÁTER E LOCAL

CARÁTER	SÃO NICOLAU	CINZAS	MATARAZZO
DAP	3,8605	3,7260	2,9388
ALT	2,0926	1,6579	1,3250
VOL	0,0499	0,0391	0,0247

NOTAS: DAP = diâmetro à altura do peito; ALT = altura total; VOL = volume individual

3.6 ANÁLISE DA INTERAÇÃO ATRAVÉS DA CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE LOCAIS

Os dados dos experimentos foram organizados em agrupamentos por locais e posteriormente fazendo-se o cruzamento entre os locais, dois a dois, de acordo com a Tabela 6.

TABELA 6 – ORGANIZAÇÃO DOS ARQUIVOS DOS EXPERIMENTOS NOS TRÊS LOCAIS ESTUDADOS PARA ANÁLISE DE INTERAÇÃO ENTRE LOCAIS

ARQUIVO	TESTES	LOCAL
1	321A e 321B	São Nicolau
2	330 e 331	Cinzas
3	326	Matarazzo
4	321A e 321B + 330 e 331	São Nicolau + Cinzas
5	321A e 321B + 326	São Nicolau + Matarazzo
6	330 e 331 + 326	Cinzas + Matarazzo

Para esta análise foi utilizado o programa computacional SELEGEN-REML/BLUP, para a estimação da correlação genética entre locais (rgloc). O modelo estatístico empregado foi o de número 4, do referido programa, em que foi acrescentado o efeito da interação genótipo x ambiente ao modelo 1, descrito no item 3.7.1.

Esse modelo é indicado para a estimação da correlação genética entre locais (rgloc), para experimentos em delineamento de blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela e vários locais. Os testes foram analisados comparando-se os locais dois a dois, e assim foram utilizados os arquivos 4, 5 e 6, descritos na Tabela 6.

A seqüência de dados para análise empregando o modelo 4, no software SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2002b) foi:

Indivíduo, progênie, bloco, parcela, interação, árvore, variáveis

3.7 ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO

Para a avaliação geral dos 12.384 indivíduos que fazem partes dos cinco testes nos três locais estudados, os arquivos 1, 2 e 3 foram agrupados na seqüência, um após o outro.

Para estas análises, foram utilizados os modelos 1 e 5 do programa SELEGEN-REML/BLUP, desenvolvido por RESENDE (2002b), que consistem em:

3.7.1 Modelo 1

O modelo 1 do programa computacional SELEGEN-REML/BLUP analisa testes de progênies de meios-irmãos, com delineamento de blocos ao acaso, várias plantas por parcela, um local e uma única população. Este modelo foi utilizado para comparar com o modelo 5, considerado o ideal, já que os cinco testes analisados são compostos por progênies de cinco diferentes procedências e este considera como se a população fosse única.

As variáveis foram analisadas usando-se a metodologia de modelo linear misto (univariado aditivo) - REML/BLUP, seguindo-se o procedimento apresentado por RESENDE e FERNANDES (1999), consistindo do seguinte:

$y = Xb + Za + Wc + e$, em que:

y , b , a , c e e : vetores de dados, dos efeitos de blocos (fixos), de efeitos genéticos aditivos (aleatório), de efeitos de parcela (aleatório) e de erros aleatórios, respectivamente.

X , Z e W : matrizes de incidência para b , a e c , respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$y|b, V \sim N(Xb, V)$$

$$a|A, \sigma_a^2 \sim N(0, A \sigma_a^2)$$

$$c|\sigma_c^2 \sim N(0, I \sigma_c^2)$$

$$e|\sigma_e^2 \sim N(0, I \sigma_e^2)$$

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

ou seja:

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

$$G = A \sigma_a^2$$

$$R = I \sigma_c^2$$

$$C = I \sigma_e^2$$

$$V = ZA \sigma_a^2 Z' + WI \sigma_c^2 W' + I \sigma_e^2 = ZGZ' + WCW' + R.$$

Equações de modelo misto

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

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

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2} = \text{herdabilidade individual no sentido restrito no bloco};$$

$$c^2 = \sigma_c^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2) = \text{correlação devida ao ambiente comum da parcela};$$

$$\sigma_a^2 = \text{variância genética aditiva};$$

$$\sigma_c^2 = \text{variância entre parcelas};$$

$$\sigma_e^2 = \text{variância residual (ambiente dentro de parcelas + não aditiva)};$$

A = matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos em avaliação.

A seqüência de dados para análise empregando o modelo 1, no software SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2002b) foi:

Indivíduo, progênie, bloco, parcela, árvore, variáveis

3.7.2 Modelo 5

O modelo 5 programa computacional SELEGEN-REMM/BLUP analisa testes de progênies de meios-irmãos, com delineamento de blocos ao acaso, com várias plantas por parcela, um local e com mais de uma procedência. Este modelo, além de classificar os melhores indivíduos pelos seus respectivos valores genéticos preditos, analisa também as procedências pelos seus valores genotípicos. Foi acrescentado ao modelo 1, o efeito das procedências.

A seqüência de dados para análise empregando o modelo 5, no software SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2002b) foi:

Indivíduo, progênie, bloco, parcela, procedência, árvore, variáveis

3.7.3 Desvios padrões das estimativas das herdabilidades individuais

Os desvios padrões das estimativas das herdabilidades individuais $\hat{s}(\hat{h}_a^2)$ foram estimados conforme FALCONER (1989):

$$\hat{s}(\hat{h}_a^2) = \sqrt{32h^2 / nbp}$$

em que:

nbp = número total de árvores avaliadas por caráter no experimento.

Desvios baixos indicam que as herdabilidades foram bem estimadas (RESENDE, 2002a).

3.8 ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS

As correlações genéticas em nível de indivíduos e fenotípicas em nível de médias de progênes foram estimadas a partir das seguintes expressões (FALCONER, 1987):

a) Coeficiente de correlação genética aditiva (r_A)

$$r_{Axy} = \frac{CÔV_A(X,Y)}{(\sigma_{Ax}^2 \cdot \sigma_{Ay}^2)^{1/2}}$$

em que:

$CÔV_A(X,Y)$ = covariância genética aditiva entre as características x e y;

σ_{Ax}^2 = variância genética aditiva da característica x;

σ_{Ay}^2 = variância genética aditiva da característica y;

b) Coeficiente de correlação fenotípica em nível de média de progênes (r_F)

$$r_F = \frac{CÔV_F(X,Y)}{(\sigma_{Fx}^2 \cdot \sigma_{Fy}^2)^{1/2}}$$

em que:

$CÔV_F(X,Y)$ = covariância fenotípica entre as características x e y em nível de média de progênes;

σ_{Fx}^2 = variância fenotípica da característica x;

σ_{Fy}^2 = variância fenotípica da característica y.

A correlação genética ou fenotípica entre idades pode ser considerada como se fosse para duas características quaisquer tais como altura e diâmetro, volume e forma, etc. No caso, as duas idades foram consideradas como diferentes características no que se refere ao controle genético, conforme foi descrito por TODA (1972). Para a realização desta análise, foi utilizado o software genético-estatístico denominado Selegen, desenvolvido por RESENDE et al. (1994).

3.9 TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL

A expressão geral do N_e em populações experimentais monóicas alógamas com variados números de indivíduos selecionados por família de meios irmãos equivale a:

$$N_e = \frac{4 N_f \bar{k}_f}{\bar{k}_f + 3 + (\sigma_{K_f}^2 / \bar{k}_f)} \quad (\text{RESENDE e BERTOLUCCI, 1995}).$$

Onde:

N_f = número de famílias amostradas;

\bar{K}_f = número médio de indivíduos selecionados por família;

$\sigma_{K_f}^2$ = variância do número de indivíduos selecionados por família.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 CRESCIMENTO E SOBREVIVÊNCIA POR LOCAL

Os resultados médios de incremento médio anual individual para as variáveis DAP, altura e volume, bem como sobrevivência por local e incremento médio volumétrico por hectare, são apresentados na Tabela 7.

TABELA 7 – MÉDIAS DE INCREMENTO MÉDIO ANUAL PARA OS CARACTERES DAP, ALTURA E VOLUME INDIVIDUAL, SOBREVIVÊNCIA MÉDIA POR EXPERIMENTO, INCREMENTO MÉDIO ANUAL EM VOLUME POR HECTARE E COMPARAÇÃO DE MÉDIAS PELO TESTE DE TUKEY PARA OS CINCO EXPERIMENTOS, NOS TRÊS LOCAIS, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

FAZENDAS	EXPERIMENTO	IMA DAP INDIVIDUAL (cm/ano)	IMA ALT INDIVIDUAL (m/ano)	IMA VOL INDIVIDUAL (m ³ /ano)	SOBREVIVÊNCIA MÉDIA (%)	IMA VOL POR HECTARE (m ³ /ha.ano)
São Nicolau	321 A	2,4174 b	1,5714 a	0,0197 a	97,3 a	32,0 a
São Nicolau	321 B	2,4260 b	1,5757 a	0,0197 a	98,0 a	32,2 a
Cinzas	330	2,5692 a	1,4000 b	0,0150 b	98,0 a	25,0 b
Cinzas	331	2,5322 a	1,3437 c	0,0137 c	98,4 a	22,5 c
Matarazzo	326	2,4853 b	1,2107 d	0,0100 d	98,8 a	16,5 d

NOTA: Médias na mesma coluna, seguidas pelas mesmas letras, não diferem significativamente a 5% de probabilidade pelo teste Tukey.

O teste de Tukey indicou diferenças entre os locais para os incrementos médios anuais em DAP, altura e volume individuais e também para o incremento médio anual em volume por hectare. Além disso, também foram encontradas diferenças significativas entre os testes 330 e 331 da fazenda Cinzas para todos caracteres avaliados, exceto para sobrevivência e incremento médio anual em DAP.

As sobrevivências foram muito altas, nos cinco testes de progênies avaliados, nos três locais, e não houve diferença significativa para este caráter, pelo Teste de Tukey.

Comparando-se com os resultados obtidos do inventário florestal contínuo da IAF realizados em plantios comerciais da espécie na Fazenda Matarazzo na mesma idade o IMA de 17,0 m³/ha.ano para o caráter volume é similar ao IMA do teste 326 (16,5 m³/ha.ano), aos 6 anos de idade. Já para a fazenda São Nicolau, os experimentos 321 A e 321 B, com um IMA em volume de 32,0 e 32,2 m³/ha.ano

foram superiores ao IMA inventariado de 26,0 m³/ha.ano, para a idade de 7,0 anos. Contrariamente aos resultados anteriores, para a fazenda Cinzas, os testes 330 e 331 apresentam um IMA em volume de 25,0 e 22,5 m³/ha.ano, abaixo da média de inventário de 28,0 m³/ha.ano, aos 6 anos e meio de idade.

4.2 CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE LOCAIS

As análises de correlação genética entre locais (rgloc) foram obtidas analisando os dados dos arquivos descritos na Tabela 6, para comparar todos os locais entre si, dois a dois. Para tal análise, foi empregado o modelo 4 do programa SELEGEN REML/BLUP e apresentou os seguintes resultados, de acordo com a Tabela 8:

TABELA 8 – RESULTADOS DA ANÁLISE DAS CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE LOCAIS (rgloc) COM DADOS “PADRONIZADOS” E “NÃO-PADRONIZADOS”

TIPOS DE DADOS	CARÁTER	SÃO NICOLAU/ CINZAS	SÃO NICOLAU/ MATARAZZO	CINZAS/ MATARAZZO
NÃO-PADRONIZADOS	DAP	0,88	0,90	0,94
	Altura	0,83	0,89	0,92
	volume	0,83	0,78	0,90
PADRONIZADOS	DAP	0,88	0,85	0,93
	Altura	0,81	0,84	0,91
	volume	0,85	0,83	0,94

Verificou-se que a correlação genética entre locais (rgloc) foi de alta magnitude para todos os caracteres, entre os três conjuntos de locais estudados, analisados dois a dois, com dados “padronizados” e “não-padronizados”, o que indica que a interação genótipo x ambiente é praticamente nula.

A correlação genética entre locais é baseada nos valores genéticos aditivos de uma determinada família em dois locais.

Uma interação genótipo x ambiente nula foi encontrada por INGRAM (1984), para altura e área basal em *P. elliotii* em Malawi. Este resultado de baixa interação também foi reportado por BRIDGEM e WILLIAMS (1984), encontrando uma alta correlação genética (rg = 0,73) entre dois locais, para *P. oocarpa*, na Austrália.

Além disso, OWINO e ZOBEL (1977), estudando estabilidade em *P. taeda*, encontraram muitas famílias adaptadas a diferentes ambientes para caracteres de crescimento. Em uma segunda avaliação do mesmo trabalho em testes de progênes repetidos em nove locais dos Estados Unidos, OWINO (1977b) reforça a tendência de famílias de meios-irmãos de *P. taeda* de manter a mesma performance relativa nas posições de local para local, consolidando os resultados que a interação genótipo x ambiente não foi importante.

Do mesmo modo, estudos realizados por LI e McKEAND (1989) para o caráter volume de madeira no sul-sudeste dos EUA, mostraram que a maioria das famílias estudadas apresentou uma baixa interação genótipo x ambiente e que a performance destas em solos férteis tem uma alta correlação com suas performances em solos pobres. Isto mostra a falta de interação de famílias de *P. taeda* em diferentes locais.

Resultados similares foram obtidos por DUDA e RESENDE (1997) em estudo de famílias de meios-irmãos de *E. grandis* na Região de Arapoti, PR, em que a correlação genética obtida foi de 0,75.

Outros resultados para *P. taeda* obtidos por FERREIRA e HODGE (2002) no sul do Brasil mostrou uma correlação genética entre locais próxima de 1,0, indicando assim uma interação genótipo x ambiente nula.

Desse modo, uma única seleção pode ser realizada, visando à geração de material melhorado para os três locais, pois a alta correlação genética revela que o melhor material em um ambiente tenderá a ser melhor também no outro ambiente. Portanto, decidiu-se pelo estabelecimento de um único Pomar Clonal de Sementes (PCS) e de uma única População Seleccionada com um tamanho efetivo populacional (N_e) igual a 50, capaz de manter alelos raros nas próximas gerações. Assim, os dados de todos os experimentos foram agrupados para que fosse feita uma análise conjunta, com o objetivo de se conduzir um único programa de melhoramento para os três locais estudados, sem perda considerável da eficiência de seleção e a custos compatíveis com a estratégia da empresa.

Caso a análise tivesse encontrado uma interação genótipo x ambiente elevada, esta poderia ser explorada no sentido de maximizar os ganhos genéticos por local com o estabelecimento de mais de uma População Seleccionada e de mais de um Pomar Clonal de Sementes (PCS).

4.3 CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS ENTRE CARACTERES

As correlações genéticas aditivas em nível de plantas (r_A) e as correlações fenotípicas em nível de progênes (r_F) entre os três caracteres, para os três locais, são apresentadas na Tabela 9.

TABELA 9 – CORRELAÇÕES GENÉTICAS ADITIVAS EM NÍVEL DE INDIVÍDUOS (r_A) E CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS EM NÍVEL DE FAMÍLIAS (r_F) ENTRE PARES DE CARACTERES DE *P. taeda* NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

CARÁTER	ALTURA			DAP			VOLUME		
	N	C	M	N	C	M	N	C	M
Altura	-	-	-	0,80	0,88	0,94	0,89	0,95	0,96
DAP	0,75	0,86	0,92	-	-	-	0,98	0,98	0,99
Volume	0,86	0,94	0,95	0,97	0,97	0,98	-	-	-

Onde: r_A = diagonal superior; r_F = diagonal inferior; N = Fazenda São Nicolau; C = Fazenda Cinzas e M = Fazenda Matarazzo.

As correlações genéticas aditivas foram maiores entre o volume e o DAP. Embora exista uma correlação entre volume e altura, a mesma não foi tão alta como a anterior, para os três locais analisados. A alta correlação entre volume e DAP indica que a seleção baseada em DAP pode representar o volume, com boa precisão.

As correlações altas e positivas entre os caracteres de crescimento para espécies florestais são citadas por diversos autores como KAGEYAMA (1980), MORAES (1987), STURION (1993), SAMPAIO (1996), entre outros.

4.4 SELEÇÃO SIMULADA COM DADOS “PADRONIZADOS” E “NÃO-PADRONIZADOS”

Uma simulação de seleção dos indivíduos com maiores valores genéticos individuais (VG), foi realizada considerando o modelo 5 do programa SELEGEN REML-BLUP (RESENDE, 2002b) com dados “padronizados” e “não-padronizados”, visando a implantação da População Seleccionada. A avaliação dos ganhos obtidos com a seleção nos diferentes tipos de dados utilizados foi feita sempre levando-se em consideração o número de indivíduos necessários para atingir um $N_e = 50$,

indicado para manter uma variabilidade segura para seleções futuras, sem risco de perda de alelos favoráveis.

4.4.1 Estimativa de parâmetros genéticos e seleção com dados dos cinco testes de progênies agrupados, considerando as cinco procedências, com dados “padronizados” e “não-padronizados”.

Os resultados da análise utilizando o modelo 5 são apresentados na Tabela 10.

TABELA 10– COEFICIENTE DE HERDABILIDADE ESTIMADO (\hat{h}_a^2), DESVIO PADRÃO DAS ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE $\hat{s}(\hat{h}_a^2)$, VARIÂNCIA GENÉTICA ADITIVA (V_a), COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICA (cva), COEFICIENTE DE VARIAÇÃO AMBIENTAL (cve), COEFICIENTES DE DETERMINAÇÃO DOS EFEITOS DE PARCELA ($c2_{\text{parc}}$), COEFICIENTE DE DETERMINAÇÃO DOS EFEITOS DE PROCEDÊNCIA ($c2_{\text{proc}}$) E VARIAÇÃO ENTRE PROCEDÊNCIAS (V_{proc}), COM DADOS “PADRONIZADOS” E “NÃO-PADRONIZADOS”, PARA OS TRÊS CARACTERES, EM *P. taeda*, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

PARÂMETROS	ALTURA		DAP		VOLUME	
	DNP	DP	DNP	DP	DNP	DP
\hat{h}_a^2	0,5033	0,5063	0,4206	0,4189	0,4862	0,5029
$\hat{s}(\hat{h}_a^2)$	0,0361	0,0362	0,0329	0,0329	0,0354	0,0360
V_a	0,6777	0,2345	3,5727	0,2685	0,0007	0,4610
cva	0,2695	0,2080	0,4622	0,2410	0,0874	0,4326
cve	0,3200	0,2400	0,6500	0,3400	0,1100	0,5400
$(c2_{\text{parc}})$	0,1161	0,1058	0,0081	0,0085	0,0488	0,0372
$(c2_{\text{proc}})$	0,0455	0,0445	0,0446	0,0432	0,0488	0,0476
v_{proc}	0,0613	0,0206	0,3795	0,0277	0,00007	0,0437

NOTAS: DNP = dados não-padronizados e DP = dados padronizados

Os altos valores de herdabilidades individuais no sentido restrito no bloco (\hat{h}_a^2), encontrados nos três locais estudados, para os caracteres altura, DAP e volume, para dados “não-padronizados” e altura, DAP e volume para dados “padronizados”, apresentadas na Tabela 10, são atribuídos ao fato das matrizes terem sido selecionadas em várias empresas, refletindo uma grande variabilidade genética.

Os baixos desvios padrões das estimativas de herdabilidade $\hat{s}(\hat{h}_a^2)$ encontrados para os três caracteres estudados, confirmam que as herdabilidades foram estimadas com grande precisão, mostrando que o delineamento experimental foi adequado para os objetivos do estudo.

Como resultado prático, os altos valores de herdabilidade para os caracteres de crescimento obtidos no presente estudo, indicam que o controle genético é alto e, por conseguinte, a seleção praticada em nível de indivíduos possibilitará ganhos para o caráter volume e também para DAP e altura.

Os valores muito baixos dos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela ($c2_{\text{parc}}$) para os caracteres altura, DAP e volume, para dados “não-padronizados”, assim como, para os mesmos caracteres na mesma ordem, para dados “padronizados”, confirmam a baixíssima variabilidade ambiental dentro do bloco.

A baixa magnitude do coeficiente de determinação dos efeitos de procedência ($c2_{\text{proc}}$) para os caracteres altura, DAP e volume para dados “não-padronizados”, assim como para os mesmos caracteres, na mesma ordem, para dados “padronizados”, indicam que a variação entre procedências é pequena frente à variação total e à variação genética dentro de procedências. Estes resultados podem ser comprovados observando-se os valores da variação entre procedências (V_{proc}), considerados muito baixos para os caracteres altura, DAP e volume, quando comparados com os valores da variação genética aditiva (v_a), para os três caracteres, na mesma ordem, ainda para dados “padronizados”. Para dados “não-padronizados”, a tendência foi a mesma.

Quanto à performance das procedências estudadas, pode-se observar na Tabela 11 que a procedência Braskraft foi a melhor para os três caracteres, em termos de efeitos genotípicos. Para as demais procedências apresentaram valores genotípicos similares, exceto a procedência PCC, com valores negativos para os três caracteres avaliados.

TABELA 11– EFEITOS GENOTÍPICOS DAS PROCEDÊNCIAS, PARA OS TRÊS LOCAIS, PARA OS TRÊS CARACTERES, EM *P. taeda*, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

ORDEM	PROCEDÊNCIA	EMPRESA	ALTURA	DAP	VOLUME
1	2	Braskraft	0,14	0,18	0,23
2	1	Klabin	0,06	0,04	0,04
3	5	IAF	-0,01	0,00	0,00
4	4	Manville	-0,01	0,00	0,00
5	3	PCC	-0,18	-0,22	-0,26

Faz-se necessário ainda ressaltar a importância da escolha adequada e da adaptação do material genético ao local, que fica evidente no ranking das procedências, em que a procedência Braskraft (ex PISA e atualmente Norske Skog Pisa) apresentou um desempenho superior às demais.

A importância da escolha adequada da procedência também foi verificada em um estudo com *P. taeda* em Irati (PR) e Três Barras (SC), em que apenas com a escolha correta das procedências, é possível obter ganhos significativos em volume (SHIMIZU; HIGA, 1981). Este desempenho é explicado pelo local do plantio dos testes de progênies, que estão na mesma região da seleção das matrizes. A segunda melhor é da região da Klabin (PR), que também localiza-se nas proximidades da região de Arapoti (PR) e, portanto, apresenta características edafo-climáticas semelhantes. Já as procedências da Manville e PCC, estão situadas no estado de Santa Catarina, em condições edafo-climáticas mais contrastantes em relação às condições em que o material genético foi avaliado nos testes de progênies. (Tabela 3)

4.4.2 Comparação entre as análises com dados “padronizados” e “não-padronizados”

Os indivíduos com maiores valores genéticos foram selecionados em ordem decrescente, necessários para atingir um tamanho efetivo populacional (N_e) igual a 50 e comparados quanto aos dados (“padronizados” e “não-padronizados”).

Os resultados da seleção quanto ao número de indivíduos selecionados por local, são apresentados na Tabela 12.

TABELA 12 - NÚMERO DE INDIVÍDUOS SELECIONADOS POR LOCAL PELO MODELO 5, COM DADOS "PADRONIZADOS" E "NÃO-PADRONIZADOS", PARA ATIGIR N_e IGUAL A 50, PARA O CARÁTER VOLUME, EM *P. taeda* NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

LOCAL	IDADE (anos)	Nº INDIVÍDUOS NO TESTE	Nº DE INDIVÍDUOS SELECIONADOS	
			DADOS PADRONIZADOS	DADOS NÃO-PADRONIZADOS
SÃO NICOLAU	7,0	3.960	26	50
CINZAS	6,5	6.480	54	31
MATARAZZO	6,0	1.944	35	1
TOTAL		12.384	115	82

De acordo com os resultados observados na Tabela 12, em que as análises com dados "padronizados" e "não-padronizados" são comparadas, nota-se que a primeira opção, apresentou um maior equilíbrio de seleção, no que diz respeito ao número de indivíduos selecionados por local. No entanto, o número de indivíduos para atingir um N_e igual a 50 foi maior em relação aos dados "não-padronizados". Os resultados sugerem que a correção de dados pelos respectivos desvios-padrões fenotípicos de cada variável em cada local corrigiu o efeito da diferença de idade entre os experimentos avaliados. No entanto, observou-se aumento de 40% no número de indivíduos a serem clonados para o estabelecimento da População Seleccionada, utilizando a seleção com dados "padronizados", para manter um tamanho efetivo populacional de 50, necessário para manter alelos raros nas gerações subseqüentes (RESENDE, 2002a).

A comparação dos ganhos genéticos estimados, bem como a nova média para o estabelecimento da População Seleccionada com dados "padronizados" e "não-padronizados" para o caráter volume, estão representados na Tabela 13.

TABELA 13 – GANHOS GENÉTICOS EM VOLUME ($\Delta G\%$) NO ESTABELECIMENTO DE UMA POPULAÇÃO SELECIONADA DE *P. taeda*, PELA SELEÇÃO DOS MELHORES INDIVÍDUOS EM TERMOS DE VALORES GENÉTICOS, NOS TRÊS LOCAIS ESTUDADOS, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

TIPO DE DADOS	$\Delta G(\%)$	NOVA MÉDIA
DADOS PADRONIZADOS	61,38	0,1600 m ³ /árvore ¹
DADOS NÃO-PADRONIZADOS	61,00	0,1600 m ³ /árvore

NOTA: ¹ Resultado do produto 3,97 pelo desvio padrão fenotípico médio ponderado para a característica Volume (0,04029)

Quanto aos ganhos genéticos calculados $\Delta G(\%)$ para o caráter volume, em função dos valores genéticos preditos para um N_e igual a 50, não houve diferença na nova média na comparação das análises com dados “padronizados” e “não-padronizados”. Em relação aos ganhos genéticos, estes foram elevados e similares para as duas situações.

Os valores genéticos dos 115 indivíduos selecionados pelo modelo 5, utilizando-se os dados “padronizados” com base no caráter volume, bem como o ranking dos mesmos para o estabelecimento da População Selecionada são apresentados na Tabela 14.

TABELA 14 – VALOR GENÉTICO ADITIVO PREDITO ($\mu+a$), EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS PREDITOS (a), GANHO GENÉTICO, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL (N_e), NOVA MÉDIA E NOVA MÉDIA CONVERTIDA, PARA O ESTABELECIMENTO DE UMA POPULAÇÃO SELECIONADA E UM POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS) DE *P. taeda*, COM BASE NO CARÁTER VOLUME, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

-continua-

ORDEM PARA $\mu+a$	$\mu+a$	a	GANHO	N_e	NOVA MÉDIA (volume)	NOVA MÉDIA (convertido)
1	4,59	2,13	2,13	1,00	4,59	0,1849
2	4,46	2,00	2,06	2,00	4,53	0,1825
3	4,38	1,92	2,01	3,00	4,48	0,1804
4	4,36	1,90	1,99	4,00	4,45	0,1793
5	4,35	1,89	1,97	5,00	4,43	0,1785
6	4,32	1,86	1,95	6,00	4,41	0,1777
7	4,30	1,83	1,93	7,00	4,39	0,1769
8	4,26	1,80	1,91	7,50	4,38	0,1765
9	4,26	1,80	1,90	8,50	4,36	0,1757
10	4,25	1,79	1,89	9,05	4,35	0,1753
11	4,25	1,78	1,88	10,04	4,34	0,1749
12	4,23	1,77	1,87	10,62	4,33	0,1745
13	4,23	1,77	1,86	11,21	4,33	0,1745
14	4,21	1,75	1,86	11,83	4,32	0,1741
15	4,17	1,70	1,85	12,08	4,31	0,1736
16	4,15	1,69	1,84	12,38	4,30	0,1732
17	4,15	1,69	1,83	13,34	4,29	0,1728
18	4,13	1,67	1,82	13,99	4,28	0,1724

TABELA 14 – VALOR GENÉTICO ADITIVO PREDITO ($\mu+a$), EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS PREDITOS (a), GANHO GENÉTICO, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL (N_e), NOVA MÉDIA E NOVA MÉDIA CONVERTIDA, PARA O ESTABELECIMENTO DE UMA POPULAÇÃO SELECIONADA E UM POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS) DE *P. taeda*, COM BASE NO CARÁTER VOLUME, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

-continua-

ORDEM PARA $\mu+a$	$\mu+a$	a	GANHO	N_e	NOVA MÉDIA (volume)	NOVA MÉDIA (convertido)
19	4,13	1,67	1,81	14,33	4,27	0,1720
20	4,13	1,66	1,80	14,69	4,27	0,1720
21	4,11	1,65	1,80	15,63	4,26	0,1716
22	4,09	1,63	1,79	16,56	4,25	0,1712
23	4,08	1,62	1,78	17,23	4,24	0,1708
24	4,06	1,59	1,77	17,31	4,24	0,1708
25	4,05	1,59	1,77	18,24	4,23	0,1704
26	4,05	1,59	1,76	18,63	4,22	0,1700
27	4,04	1,58	1,75	18,76	4,21	0,1696
28	4,04	1,58	1,75	18,69	4,21	0,1696
29	4,03	1,57	1,74	18,90	4,20	0,1692
30	4,03	1,57	1,73	19,78	4,20	0,1692
31	4,03	1,57	1,73	20,68	4,19	0,1688
32	4,03	1,57	1,72	21,12	4,19	0,1688
33	4,02	1,56	1,72	21,34	4,18	0,1684
34	4,02	1,56	1,71	21,15	4,18	0,1684
35	4,01	1,55	1,71	21,22	4,17	0,1680
36	4,01	1,55	1,70	22,07	4,17	0,1680
37	4,01	1,55	1,70	22,74	4,16	0,1676
38	4,00	1,54	1,70	22,83	4,16	0,1676
39	4,00	1,54	1,69	23,12	4,15	0,1672
40	3,99	1,53	1,69	23,23	4,15	0,1672
41	3,99	1,53	1,68	24,07	4,15	0,1672
42	3,99	1,52	1,68	24,91	4,14	0,1668
43	3,98	1,52	1,68	24,85	4,14	0,1668
44	3,97	1,51	1,67	24,82	4,14	0,1668
45	3,97	1,51	1,67	25,48	4,13	0,1664
46	3,97	1,50	1,67	26,14	4,13	0,1664

TABELA 14 – VALOR GENÉTICO ADITIVO PREDITO ($\mu+a$), EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS PREDITOS (a), GANHO GENÉTICO, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL (N_e), NOVA MÉDIA E NOVA MÉDIA CONVERTIDA, PARA O ESTABELECIMENTO DE UMA POPULAÇÃO SELECIONADA E UM POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS) DE *P. taeda*, COM BASE NO CARÁTER VOLUME, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

-continua-

ORDEM PARA $\mu+a$	$\mu+a$	a	GANHO	N_e	NOVA MÉDIA (volume)	NOVA MÉDIA (convertido)
47	3,97	1,50	1,66	25,97	4,12	0,1660
48	3,97	1,50	1,66	26,78	4,12	0,1660
49	3,96	1,50	1,66	26,95	4,12	0,1660
50	3,96	1,50	1,65	26,82	4,12	0,1660
51	3,96	1,50	1,65	27,62	4,11	0,1656
52	3,96	1,49	1,65	28,42	4,11	0,1656
53	3,95	1,49	1,64	29,23	4,11	0,1656
54	3,95	1,49	1,64	29,72	4,10	0,1652
55	3,95	1,48	1,64	29,75	4,10	0,1652
56	3,95	1,48	1,64	30,55	4,10	0,1652
57	3,94	1,47	1,63	31,04	4,09	0,1648
58	3,93	1,47	1,63	30,79	4,09	0,1648
59	3,93	1,47	1,63	31,43	4,09	0,1648
60	3,93	1,47	1,62	32,22	4,09	0,1648
61	3,93	1,47	1,62	32,87	4,08	0,1644
62	3,92	1,46	1,62	33,22	4,08	0,1644
63	3,92	1,46	1,62	34,01	4,08	0,1644
64	3,92	1,46	1,61	34,66	4,08	0,1644
65	3,92	1,45	1,61	35,31	4,07	0,1640
66	3,91	1,45	1,61	36,11	4,07	0,1640
67	3,90	1,44	1,61	36,92	4,07	0,1640
68	3,88	1,42	1,60	37,10	4,07	0,1640
69	3,88	1,41	1,60	36,69	4,06	0,1636
70	3,88	1,41	1,60	37,48	4,06	0,1636
71	3,88	1,41	1,60	37,39	4,06	0,1636
72	3,87	1,41	1,59	37,47	4,06	0,1636
73	3,87	1,41	1,59	38,25	4,05	0,1632
74	3,86	1,40	1,59	39,03	4,05	0,1632
75	3,86	1,40	1,59	38,55	4,05	0,1632

TABELA 14 – VALOR GENÉTICO ADITIVO PREDITO ($\mu+a$), EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS PREDITOS (a), GANHO GENÉTICO, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL (N_e), NOVA MÉDIA E NOVA MÉDIA CONVERTIDA, PARA O ESTABELECIMENTO DE UMA POPULAÇÃO SELECIONADA E UM POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS) DE *P. taeda*, COM BASE NO CARÁTER VOLUME, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

-continua-

ORDEM PARA $\mu+a$	$\mu+a$	a	GANHO	N_e	NOVA MÉDIA (volume)	NOVA MÉDIA (convertido)
76	3,86	1,40	1,58	38,38	4,05	0,1632
77	3,86	1,39	1,58	38,36	4,04	0,1628
78	3,86	1,39	1,58	39,11	4,04	0,1628
79	3,86	1,39	1,58	39,61	4,04	0,1628
80	3,85	1,39	1,57	40,37	4,04	0,1628
81	3,85	1,39	1,57	41,14	4,03	0,1624
82	3,84	1,38	1,57	41,64	4,03	0,1624
83	3,84	1,38	1,57	42,40	4,03	0,1624
84	3,84	1,38	1,56	42,11	4,03	0,1624
85	3,84	1,37	1,56	41,98	4,02	0,1620
86	3,83	1,37	1,56	41,86	4,02	0,1620
87	3,83	1,37	1,56	42,48	4,02	0,1620
88	3,83	1,37	1,56	43,10	4,02	0,1620
89	3,83	1,37	1,55	43,85	4,02	0,1620
90	3,83	1,37	1,55	44,48	4,01	0,1616
91	3,83	1,37	1,55	44,23	4,01	0,1616
92	3,83	1,37	1,55	43,78	4,01	0,1616
93	3,83	1,36	1,55	44,40	4,01	0,1616
94	3,82	1,36	1,54	44,09	4,01	0,1616
95	3,82	1,36	1,54	43,70	4,00	0,1612
96	3,81	1,35	1,54	43,24	4,00	0,1612
97	3,81	1,35	1,54	43,84	4,00	0,1612
98	3,81	1,35	1,54	44,33	4,00	0,1612
99	3,81	1,34	1,53	45,04	4,00	0,1612
100	3,81	1,34	1,53	45,65	3,99	0,1608
101	3,80	1,34	1,53	46,14	3,99	0,1608
102	3,80	1,34	1,53	46,75	3,99	0,1608
103	3,80	1,34	1,53	46,29	3,99	0,1608
104	3,80	1,34	1,52	47,00	3,99	0,1608

TABELA 14 – VALOR GENÉTICO ADITIVO PREDITO ($\mu+a$), EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS PREDITOS (a), GANHO GENÉTICO, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL (N_e), NOVA MÉDIA E NOVA MÉDIA CONVERTIDA, PARA O ESTABELECIMENTO DE UMA POPULAÇÃO SELECIONADA E UM POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS) DE *P. taeda*, COM BASE NO CARÁTER VOLUME, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

-conclusão-

ORDEM PARA $\mu+a$	$\mu+a$	a	GANHO	N_e	NOVA MÉDIA (volume)	NOVA MÉDIA (convertido)
105	3,80	1,34	1,52	47,71	3,99	0,1608
106	3,80	1,34	1,52	47,16	3,98	0,1604
107	3,79	1,33	1,52	47,36	3,98	0,1604
108	3,79	1,33	1,52	47,25	3,98	0,1604
109	3,79	1,33	1,52	47,07	3,98	0,1604
110	3,79	1,32	1,51	47,65	3,98	0,1604
111	3,78	1,32	1,51	48,24	3,97	0,1600
112	3,78	1,32	1,51	48,74	3,97	0,1600
113	3,78	1,32	1,51	49,33	3,97	0,1600
114	3,78	1,32	1,51	49,82	3,97	0,1600
115	3,78	1,32	1,51	50,51	3,97	0,1600

Para os três locais analisados, os 115 indivíduos selecionados para um tamanho efetivo populacional (N_e) igual a 50 proporcionaram um ganho genético de 61,38%, ($1,51 \pm 0,1872$) ou intervalo de 1,3228 a 1,6972 m^3 (dados padronizados), equivalente ao intervalo de 0,0533 a 0,06838 m^3 por árvore (dados convertidos). A nova média para o caráter volume individual da População Selecionada sugere um aumento de 0,0992 para 0,1600 m^3 /árvore.

4.4.3 Efeito nas estimativas dos parâmetros genéticos e seleção considerando a procedência da empresa Braskraft

Nesta simulação foram estudados os parâmetros genéticos considerando-se a seleção dentro da procedência Braskraft.

TABELA 15 – COEFICIENTE DE HERDABILIDADE ESTIMADO \hat{h}_a^2 , DESVIO PADRÃO DAS ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE $\hat{s}(\hat{h}_a^2)$, COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICA (Cva), COEFICIENTE DE VARIAÇÃO AMBIENTAL FENOTÍPICA INDIVIDUAL (Cve) E COEFICIENTES DE DETERMINAÇÃO DOS EFEITOS DE PARCELA ($c2_{\text{parc}}$) PARA A PROCEDÊNCIA BRASKRAFT E AS PROCEDÊNCIAS KLABIN E BRASKRAFT JUNTAS, COM DADOS “PADRONIZADOS”, PARA VOLUME, EM *P. taeda*, PARA A REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

PARÂMETROS	VOLUME	
	BRASKRAFT	BRASKRAFT E KLABIN
\hat{h}_a^2	0,1700	0,4592
$\hat{s}(\hat{h}_a^2)$	0,0622	0,0377
cva	0,2266	0,3905
cve	0,4984	0,5215
($c2_{\text{parc}}$)	0,0077	0,0417

Estas análises simulam a seleção para o caráter volume, nos três locais estudados, considerando a melhor procedência (Braskraft) e em outra situação as duas melhores (Braskraft e Klabin) em termos de valores genotípicos.

TABELA 16– COMPARAÇÃO ENTRE O NÚMERO TOTAL DE INDIVÍDUOS SELECIONADOS DAS CINCO PROCEDÊNCIAS E SELEÇÃO SIMULADA PARA A PROCEDÊNCIA BRASKRAFT, PARA VOLUME E N_e IGUAL A 50, EM *P. taeda*, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

LOCAL	IDADE (anos)	Nº INDIVÍDUOS NO TESTE	Nº INDIVÍDUOS SELECIONADOS CONSIDERANDO		
			CINCO PROCEDÊNCIAS	PROCEDÊNCIA BRASKRAFT	BRASKRAFT E KLABIN
SÃO NICOLAU	7,0	3.960	25	150	47
CINZAS	6,5	6.480	54	218	62
MATARAZZO	6,0	1.944	35	167	56
TOTAL		12.384	115	535	165

O valor da herdabilidade individual no sentido restrito no bloco, encontrado nos três locais estudados, para o caráter volume, de acordo com as análises apresentadas na Tabela 15 para a procedência Braskraft, foi de média magnitude e pode ser devido ao menor número de indivíduos envolvidos na seleção de apenas uma procedência. Assim como nas demais análises em que as cinco procedências estiveram representadas (Tabela 10), o baixo valor encontrado para o desvio padrão

da estimativa de herdabilidade $\hat{s}(h_a^2)$ para o caráter volume, confirma a consistência do valor encontrado para o parâmetro genético herdabilidade.

Para esta simulação, a procedência Braskraft apresentou menor variabilidade genética, conseqüentemente uma menor herdabilidade e um ganho genético inferior (10,03%). Estas conclusões podem ser confirmadas observando-se os resultados apresentados na Tabela 16, em que o N_e igual a 50 foi atingido com a seleção de 535 indivíduos, o que representaria um esforço muito grande para o estabelecimento de uma População Seleccionada, pelo elevado número de indivíduos selecionados que seriam propagados vegetativamente através da enxertia e também pela disposição dos mesmos, já que esta teria um demasiado número de indivíduos aparentados.

O valor muito baixo para o caráter volume individual do coeficiente de determinação dos efeitos de parcela ($c2_{parcel}$) confirma a baixa variabilidade ambiental dentro do bloco, assim como na análise com todas as cinco procedências juntas (Tabela 10), em que o ($c2_{parcel}$) apresentou um valor extremamente baixo (0,0372). Já para a simulação com as procedências Braskraft e Klabin, utilizando o modelo 5 com dados “padronizados” (Tabela 17), a herdabilidade calculada foi de alta magnitude. Do mesmo modo, o baixo valor encontrado para o desvio padrão da estimativa de herdabilidade $\hat{s}(h_a^2)$ para o caráter volume (0,0377), confirma a precisão da estimativa de herdabilidade. Nesta simulação o tamanho efetivo populacional igual a 50 foi obtido com a seleção de dos 165 melhores indivíduos em termos de valores genéticos. O ganho genético ($\Delta G=44,2\%$), é inferior à simulação de seleção com as 5 procedências ($\Delta G=61,38\%$).

Assim, como o objetivo é maximizar os ganhos genéticos e manter um tamanho efetivo populacional adequado para as futuras seleções, sem o risco de restrição da base genética e conseqüente endogamia, a melhor opção é utilizar todas as procedências para o estabelecimento da População Seleccionada. Para tanto deverão ser utilizados os resultados da análise apresentada através do modelo 5, com dados “padronizados” e todas as procedências analisadas em conjunto. No entanto, para capitalizar o máximo de ganho genético, a estratégia será montar um pomar clonal de sementes (PCS) com os 20 melhores indivíduos com base no valor genético individual.

4.4.4 Ganhos genéticos e nova média estimados para um Pomar Clonal de Sementes (PCS) comparando a análise das cinco procedências com a procedência da empresa Braskraft e com as procedências Klabin e Braskraft em conjunto

Para esta simulação foi considerado a seleção dos primeiros vinte indivíduos com maiores valores genéticos, modelos 1 e 5 e dados “padronizados” (Tabela 17).

TABELA 17 – MÉDIA GERAL, GANHOS GENÉTICOS ($\Delta G\%$) E NOVA MÉDIA NO ESTABELECIMENTO DE UM POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS) DE *P. taeda*, PELA SELEÇÃO DOS 20 INDIVÍDUOS COM MAIORES VALORES GENÉTICOS, PARA O CARÁTER VOLUME, NOS TRÊS LOCAIS ESTUDADOS, NA REGIÃO DE ARAPOTI (PR)

SIMULAÇÃO	MÉDIA GERAL	$\Delta G(\%)$	NOVA MÉDIA
CINCO PROCEDÊNCIAS	0,0992 m ³ /árvore	73,0	0,1720 m ³ /árvore
PROCEDÊNCIAS BRASKRAFT E KLABIN	0,1042 m ³ /árvore	56,4	0,1629 m ³ /árvore
PROCEDÊNCIA BRASKRAFT	0,1087 m ³ /árvore	16,7	0,1265 m ³ /árvore

NOTA: Para a procedência Braskraft foi utilizado o modelo 1, enquanto para as análise com mais de uma procedência, o modelo utilizado foi o de número 5.

Assim como para o estabelecimento da População Seleccionada, o Pomar Clonal de Sementes deverá utilizar a simulação envolvendo todas as procedências, modelo 5 e dados “padronizados”. Os 20 indivíduos com maiores valores genéticos selecionados propiciarão um ganho genético (ΔG) igual a 73% ($1,80 \pm 0,3472$) ou intervalo de 1,4528 a 2,1472 m³ (dados padronizados), equivalente ao intervalo de 0,0585 a 0,0865 m³ por árvore (dados convertidos). A nova média para o caráter volume individual do Pomar Clonal de Sementes (PCS) estima um aumento de 0,0992 para 0,1720 m³/árvore.

5 CONCLUSÕES

Os resultados obtidos no presente estudo permitiram as seguintes conclusões:

- a) Com base na alta correlação genética é possível concluir que a interação progênies x locais não foi significativa na análise de locais, dois a dois. Assim, será possível estabelecer um único Pomar Clonal de Sementes e uma única População Seleccionada, para atender os três locais estudados.
- b) Para o estabelecimento da População Seleccionada, a melhor opção foi a seleção com contribuição das cinco procedências avaliadas e dados padronizados. A grande variabilidade genética foi evidente devido à alta magnitude das estimativas de herdabilidade (0,5029). A contribuição de várias procedências permitiu a composição da População Seleccionada de tamanho efetivo populacional (N_e) igual a 50 com a seleção dos 115 indivíduos de maiores valores genéticos.
- c) A seleção dos 20 indivíduos com maiores valores genéticos dentro de todas as procedências avaliadas maximizou os ganhos genéticos (73%), possibilitando assim a elevação da média de 0,0992 para uma nova média de 0,1720 m³/árvore.

REFERÊNCIAS

ALMEIDA, C. V. **Avaliação do comportamento morfogenético de *Pinus caribaea* Morelet var. *hondurensis* Barr. & Golf. "in vitro"**. Piracicaba, 1991 (Tese de Mestrado)-Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, v.4, p. 503-507, 1964.

ARAÚJO, A.J. **Early results of provenance studies of loblolly and slash pine in Brazil**. Michigan, 1980, 115p. Ph.D. Thesis. Michigan State University.

BAKER, J. B.; LANGDON, O. G. *Pinus taeda* L. - Loblolly pine. In: BURNS, R. M.; HONKALA, B. H. (Eds.) **Silviculture of North America**. Washington: USDA Forest Service. v. 1. p. 497-512, 1990.

BORÉM, A. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1997, 547 p.

BRIDGEN, L. G. ; WILLIAMS E. R. *Pinus oocarpa* provenance testing in the Northern Territory of Australia and a comparison with *Pinus caribaea*. In: IUFRO 1984b, p. 186-187, 1984.

BYRAM, T.D.; LOWE, W.J.; GOODING, G.D. Western Gulf tree improvement program gene conservation plan for loblolly pine. **Forest Genetic Resources** v. 27, p. 55-59, 1999.

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**, 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, v.10, p. 155-167, 1980.

CRUZ C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa , MG - Universidade Federal de Viçosa, 1994, 390 p.

DEMATTE, J.A.; DEMATTE, J.L. **Levantamento semi-detalhado de solos relacionado aos grupos de manejo, como base para um sistema de informação geográfica de alguns hortos da Inpacel Agroflorestal**. Piracicaba - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2001, 270 p.

DORMAN, K.W. The genetics and breeding of southern pines. U.S. Department of Agriculture, **Agricultural Handbook**, 1976, 407p.

DUDA, L. L.; RESENDE, M. D. V. de; CANDIDO, H. C. S. Avaliação genética e seleção em *Eucalyptus grandis* na região de Arapoti-PR. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 21, n. 4, p. 537-545, 1997.

DUDLEY, J. W.; MOLL, R.H. Interpretation and use of estimation of heritability and genetic variance in plant breeding. **Crop Science**, V.2, n. 3, p. 257-262, 1969.

EBERHART, S. A. Factors effecting efficiencies of breeding methods. **African Soils**, v.15, p. 669-672, 1979.

EMBRAPA - **Centro Nacional de pesquisa de solos (Rio de Janeiro - RJ). Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília: EMBRAPA. Produção de Informação/Rio de Janeiro: EMBRAPA-SOLOS, 1999, 306P.

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

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG - Universidade Federal de Viçosa, 279p.,1987

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

FERREIRA, M.; ARAÚJO, A.J. **Procedimentos e recomendações para testes de procedências**. Curitiba: EMBRAPA/URPFCS, 1981.

FERREIRA, M. Melhoramento florestal e silvicultura intensiva com eucalipto. **Silvicultura**, 31: 5-11,1983.

FIER, I. S. N.; KIKUTI, P. 1993. Perspectivas para a utilização de espécies de *Pinus* spp. do México e América Central na Região de Telêmaco Borba-Pr. In: SBS (ed) 7º Congresso Florestal Brasileiro. Curitiba, **Anais...** 1:139-143.

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

FREITAS, M. A participação da produção florestal na economia brasileira. In: **THE CHALLENGE OF NEOTROPICAL FORESTS**. Curitiba, Anais, p. 322-329, 1991.

GAPARE, W. J. **Genetic parameters and provenance productivity of *Pinus maximinoi* H.E. Moore in Brazil, Colombia and South Africa**. Raleigh, 1999, 108 p. (Master of Science Thesis). North Carolina State University.

HIGA, A. R. Pesquisa com o eucalipto no Brasil: Evolução e contribuição. In: SEMINÁRIO EUCALIPTO UMA VISÃO GLOBAL, 1995, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: SIF/AMDA/Embrapa Florestas, 1995.

INGRAM, C. L. Provenance research on *Pinus elliottii* and *P. taeda* in Malawi. In: IUFRO, p. 265-277, 1984

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

LI, B.; McKEAND, S.E. Stability of Loblolly pine families in the southesastern U.S. **Silvae Genetica**, v.38, n.3-4, p.96-101, 1989.

LINDGREN, D. How should breeders respond to breeding values? In: Joint workshop of IUFRO working parties. Williamsburg, Virginia. **Proceedings...NCSU**, p.361-372, 1986.

McKEAND, S.E. Optimum age for family selection for growth in genetic tests of Loblolly pine. **Forest Science.**, v.34, n. 2, p. 400-411, 1988

MORAES, M. L. T. **Variação genética da densidade básica da madeira em progênies de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden e suas relações com as características de crescimento**. Piracicaba, 1988, 115p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz.

OWINO, F.; ZOBEL, B. J. Genotype x environment interaction and genotypic stability in loblolly pine. General introduction and description of the experiment. **Silvae Genética**, V. 26, n.1, p.18 - 21, 1977.

OWINO, F. Genotype x environment interaction and genotypic stability in loblolly pine. II: Genotypic stability comparisons. **Silvae Genetica**, v. 26, p. 21 - 26, 1977b.

PAULA, R. C. **Avaliação de diferentes critérios de seleção aplicados em melhoramento florestal**. Viçosa, MG, 1997, 74p. Tese (Doutorado)- Universidade Federal de Viçosa.

PEREIRA, M. B.; VENCOVSKY, R. **Limites da seleção recorrente. I. Fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, n. 23, p. 769-780, 1988.

RAWLINGS, J. O. Present status of research on long and short-term recurrent selection in finite populations: choice of population size. In: MEETING OF WORKING GROUP ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., 1970, New Orleans. **Proceedings... USDA / SFES**, 1970. p. 1-15.

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

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

RESENDE, M.D.V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Florestas, (Documentos, 47). Embrapa Florestas, Colombo, 2000, 101p.

RESENDE, M. D. V. de. Melhoramento de Essências Florestais. In: BORÉM, A. (Ed.) **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1999. p. 589-648.

RESENDE, M. D. V. de; BERTOLUCCI, F. L. G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: CRCTHF - IUFRO CONFERENCE "Eucalypt Plantations: Improving Fibre and Quality". **Proceedings... IUFRO**, 1995, p. 167-170.

RESENDE, M. D.V. de; et al. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variância de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Revista Floresta**, Curitiba, v. 24, n.1/2, p.35-45, 1995.

RESENDE, M. D. V. de; et al. **Seleção genética computadorizada – Selegen “Best Prediction”**: manual do usuário. Colombo: EMBRAPA-CNPQ. 1994, 31p.

RESENDE, M.D.V. de; FERNANDES, J.S.C. Procedimento BLUP (melhor predição linear não viciada) individual pra delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Rev. de Matemática e Estatística**, v.17, p.89-107, 1999.

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p. 37-56, 1994.

RESENDE, M. D. V. de; ROSA-PEREZ, J. R. H. **Genética quantitativa e estatística no melhoramento animal**. Curitiba: Imprensa Universitária – UFPR, 1999^a, 496p.

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

SBS – Sociedade Brasileira de Silvicultura (São Paulo-SP) – Estatísticas atualizadas. **Internet**. O setor florestal brasileiro. 2003.

SHIMIZU, J.Y.; HIGA, A.R. Variação racial do *Pinus taeda* L. no sul do Brasil até o sexto ano de idade. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, v.2, p. 1-25, 1981.

STEENBERG, B. Forestry in developing countries. **Kungl. Skogs-och Lantbruks akademiens Tidskrift** 3, p. 149 –166, 1993.

STURION, J. A. **Variação genética de características de crescimento e de qualidade da madeira em progênies de *Eucalyptus viminalis* LABILL**. Curitiba,

1993, 112p. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) – Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W. E. (Ed.). **Melhoramento e genética**. São Paulo: Melhoramentos, 1969. p. 17-38.

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

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Eds.) **Melhoramento e produção de milho**. 2ª ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 137-214.

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

VENDRAME, W. A. 1994. **Embriogênese somática em *Pinus taeda* L.** Piracicaba, 1994, 104p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz.

WHITE, T.L. A conceptual framework for tree improvement programs. **New Forests**, n. 4, p. 325-342, 1987.

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. Dordrecht: Kluwer, 1989. 367p.

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

WRIGHT, L. W. **Introduction to forest genetics**. New York: Academic, 1976, 463 p.

ZOBEL, B. Loblolly pine in retrospect In: SYMPOSIUM OF LOBLOLLY PINE ECOSYSTEM (EAST REGION), Raleigh, 1982. **Proceedings...** Raleigh, North Carolina University Press. p. 1-15, 1982.

ZOBEL, B. J. **Applied forest tree improvement**. Wiley: New York, 1984, 521p.

ZOBEL, B.J.; Van Wyk, G.; Stahl, P. **Growing exotic forests**. Wiley: New York, 1987, 508 p.