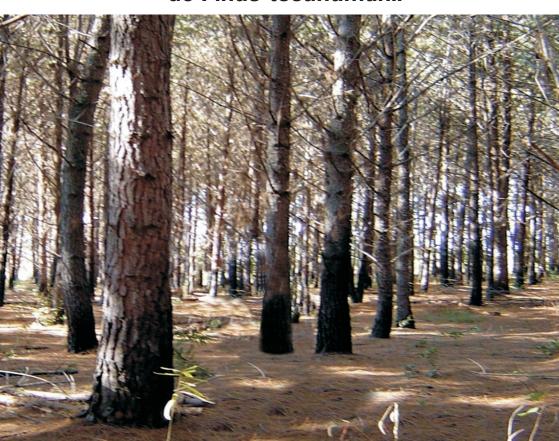
Boletim de Pesquisa 173 e Desenvolvimento (ISSN 1676-918X Agosto, 2006)

Índices de Seleção para Famílias de Meios-irmãos de *Pinus tecunumanii*







Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária Embrapa Cerrados Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento

Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 173

Índices de Seleção para Famílias de Meios-irmãos de *Pinus tecunumanii*

Sebastião Pires de Moraes Neto José Teodoro de Melo Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Cerrados

BR 020, Km 18, Rod. Brasília/Fortaleza

Caixa Postal 08223 CEP 73310-970 F

) Planaltina. DF

Fone: (61) 3388-9898

Fax: (61) 3388-9879

http://www.cpac.embrapa.br

sac@cpac.embrapa.br

Comitê de Publicações

Presidente: José de Ribamar N. dos Anjos Secretária-Executiva: Maria Edilva Noqueira

Supervisão editorial: *Maria Helena Gonçalves Teixeira* Revisão de texto: *Maria Helena Gonçalves Teixeira* Normalização bibliográfica: *Shirley da Luz Soares*

Capa: Wellington Cavalcanti

Editoração eletrônica: *Wellington Cavalcanti* Impressão e acabamento: *Divino Batista de Souza* Jaime Arbués Carneiro

Impresso no Serviço Gráfico da Embrapa Cerrados

1ª edição

1ª impressão (2006): tiragem 100 exemplares

Todos os direitos reservados.

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei n° 9.610).

CIP-Brasil. Catalogação na publicação. Embrapa Cerrados.

M827i Moraes Neto, Sebastião Pires de.

Índices de seleção para famílias de meios-irmãos de *Pinus tecunumanii /* Sebastião Pires de Moraes Neto, José Teodoro de Melo. – Planaltina, DF : Embrapa Cerrados, 2006.

22 p.— (Boletim de pesquisa e desenvolvimento / Embrapa Cerrados, ISSN 1676-918X; 173)

1. Pinus - melhoramento genético. I. Melo, José Teodoro de. II. Título. III. Série.

634.973 - CDD 21

Sumário

Resumo	5
Abstract	6
ntrodução	7
Material e Métodos	7
Correlações fenotípicas e genéticas	10
Seleção e índices	11
Resultados e Discussão	14
Conclusões	21
Referências	21

Índices de Seleção para Famílias de Meios-irmãos de *Pinus tecunumanii*

Sebastião Pires de Moraes Neto¹ José Teodoro de Melo²

Resumo – Pinus tecunumanii Equiluz e J.P. Perry é uma espécie nativa das partes elevadas do sul do México e da América Central. Apesar do seu excelente crescimento e qualidade da madeira, é pouco plantada comercialmente. O objetivo deste trabalho foi comparar métodos de seleção para famílias de meiosirmãos como subsídio para o estabelecimento de um pomar de sementes. Testou-se a seleção direta em três caracteres (altura, circunferência à altura do peito (CAP) e volume), bem como a seleção simultânea de seis caracteres (os três citados anteriormente, mais a forma do caule, a espessura do galho e a sobrevivência), com base no índice clássico de seleção, na soma de ranks, no índice restrito, no índice multiplicativo e no índice baseado na distância genótipo/ideótipo. Para isso, um experimento com 8 procedências e 42 progênies de polinização aberta de P. tecunumanii foi instalado próximo a Planaltina, DF, região do Cerrado, em 1984, e medido aos 20 anos. As herdabilidades médias de progênies foram 81 % para altura, 82 % para CAP, 69 % para forma do caule, 73 % para espessura do galho, 76 % para sobrevivência e 82 % para volume. A seleção direta sobre a altura da árvore, o índice soma de ranks (utilizando o coeficiente de variação genético de cada caráter como peso) e o índice multiplicativo apresentaram ganhos de seleção superiores e mais equilibrados que os demais métodos.

Termos para indexação: pinus, ganho genético, herdabilidade, métodos de seleção.

¹ Engenheiro Florestal, D.Sc, Pesquisador da Embrapa Cerrados, spmoraesn@cpac.embrapa.br.

² Engenheiro Florestal, D.Sc., Pesquisador da Embrapa Cerrados, teodoro@cpac.embrapa.br.

Selection Indexes of *Pinus* tecunumanii Half-sib Families

Abstract – Pinus tecunumanii Equiluz e J.P. Perry is a native species of the high lands of the southern Mexico and Central America. Despite its excellent growth and wood quality it is few planted commercially. The objective of this work was compare selection methods for half sib families as subsidy to the establishment of seed orchards. There was studied direct selection in three traits (height, breast-height circunference - BHC and volume), as well as simultaneous selection of six traits (the three anteriorly mentioned plus stem form, branch thickness and survival) based on the classic selection index, on rank addictions index, on restricted selection index, multiplicative index and index based in genotype-ideotype distance. The trial with 8 provenances and 42 open-pollinated progenies were planted near Planaltina, Federal District, in the Savanna region of Brazil, in 1984 and assessed at 20 years old. The heritabilities for the family means was 81 % for height, 82 % for BHC, 69 % for stem form, 73 % for branch diameter, 76 % for survival and 82 % for volume. The direct selection on tree height and rank addictions index, this later using genetic variation coefficient in each trait as weight, and the multiplicative index, shown superior selection gains in a more equilibrated manner when compared to the others methods.

Index terms: pinus, genetic gain, heritability, selection methods.

Introdução

Pinus tecunumanii é uma espécie nativa das partes elevadas das terras do sul do México e da América Central. O desenvolvimento do *P. tecunumanii* tem sido superior ao do *Pinus caribaea* var. *hondurensis* e *do Pinus oocarpa*, na maioria dos ensaios realizados no Cerrado. Ademais, possui uma excelente forma, os ramos finos e uma boa desrama natural (MOURA; VALE, 2002). Essa espécie é utilizada para arborização de parques e jardins, para celulose, construções, laminação, particulados (aglomerado, OSB, waferboard) e para confecção de lápis (MARTO et al., 2006).

Para obtenção de materiais superiores, é necessário que o genótipo selecionado reúna, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis e confira rendimento mais elevado, satisfazendo tanto as exigências do consumidor quanto a dos produtores (MISSIO et al., 2004). Contudo, existem vários métodos de seleção simultânea de caracteres (CRUZ, 2006a), tornando-se necessária a comparação dos mesmos para cada espécie vegetal em interação com as condições edafoclimáticas do local do plantio.

O objetivo deste trabalho foi comparar métodos de seleção de famílias de meiosirmãos de *Pinus tecunumanii* como subsídio para o estabelecimento de um pomar de sementes em região do Cerrado no Distrito Federal.

Material e Métodos

Um ensaio com 8 procedências e 42 progênies centro-americanas de polinização aberta de *Pinus tecunumanii* foi estabelecido em Planaltina, DF, em dezembro de 1984, em área de Cerrado, com latitude de 15° 35′ Sul, longitude 47° 42′ Oeste, altitude de 1.100 m e com precipitação pluviométrica média de 1.500 mm/ano, com pronunciada estação seca de quase 6 meses de duração (Tabela 1). O solo é laterítico (oxisol), profundo, altamente lixiviado e de baixa fertilidade (Tabela 2).

Tabela 1. Procedências de Pinus tecunumanii incluídas no teste em Planaltina, DF.

Procedência	País	Latitude	Altitude (m)	Precipitação média anual (mm)
Las Trancas	Honduras	14° 07′ N	2.130	1.579
La Soledad	Guatemala	14° 31′ N	2.427	1.543
San Vicente	Guatemala	15° 05′ N	1.945	1.700
San Lorenzo	Guatemala	15° 05′ N	2.000	1.700
San Jerônimo	Guatemala	15° 03′ N	1.735	1.200
Km 47	Guatemala	14° 35′ N	2.100	1.543
Km 33	Guatemala	14° 35′ N	2.100	1.543
Celaque	Honduras	14° 33′ N	1.785	1.273

Testemunhas: San Jerônimo (CO200 e CO206), Guatemala; P. oocarpa (BR405) de Agudos, Brasil.

Tabela 2. Características químicas e texturais do solo.

•	P Mg/kg ⁻¹			Ŭ			•		
4,6	0,1	0,10	0,14	0,07	0,40	6,20	50	16	34

O experimento seguiu um delineamento experimental de blocos de famílias compactas, num total de nove blocos compostos por parcelas lineares de seis indivíduos por progênie. O espaçamento utilizado foi 3 m x 3 m. O número de famílias em cada bloco é variável, com no mínimo três e no máximo dez. Controles foram incluídos nos testes, sendo dois compostos dos melhores fenótipos da procedência de San Jerônimo (CO200 e CO206), Guatemala, de *Pinus tecunumanii*, e o outro de *P. oocarpa* (BR405), oriundo de área de produção de sementes da Companhia Agro-Florestal Monte Alegre (CAFMA), Agudos, São Paulo. Essa área de *P. oocarpa* foi formada originalmente com sementes coletadas em Honduras no início dos anos 1970. Uma bordadura dupla com plantas de *P. oocarpa* foi colocada ao redor da área experimental.

As árvores do ensaio foram avaliadas aos 20 anos de idade para sobrevivência, altura, circunferência à altura do peito (CAP), forma do caule, volume e espessura do galho. A forma do caule foi classificada em quatro níveis (1 = árvore torta a 4 = árvore reta), e a espessura do galho em 3 níveis (1 = galho grosso a 3 = galho fino). Quando necessário, os valores foram fracionados no intervalo de 1 a 4 para o primeiro e 1 a 3 para o segundo. O volume foi calculado como se fosse um cilindro, ou seja:

volume (m³) =
$$\pi$$
.(raio)².Altura Δ raio = $\frac{CAP}{2\pi}$,

onde CAP = circunferência à altura do peito (m)

Na ocasião do plantio (adubação na cova), e 90 dias após (adubação de cobertura), as mudas foram fertilizadas com uma mistura de 100 g de superfosfato simples, 40 g de KCI, 3 g de borax e 2 g de ZnSO₄. Cinqüenta por cento dessa mistura foi usada em cada aplicação.

Para a análise de variância de todas as características observadas, exceto da sobrevivência, foram utilizados os valores médios das parcelas. O modelo estatístico usado foi:

$$Y_{ij} = m + g_i + b_j + e_{ij},$$

em que:

Y_{ii} = observação na i-ésima progênie e j-ésima repetição;

m = média geral;

$$g_i$$
 = efeito da i-ésima progênie, i = 1, 2 ...g ($g_i \sim NID(0, \sigma_g^2)$);

$$b_i$$
 = efeito do j-ésimo bloco, j = 1,2 ...r ($b_i \sim NID(0, \sigma_b^2)$);

$$e_{ii} = \text{erro aleatório} \quad (e_{ii} \sim \text{NID}(0, \frac{2}{\Omega_e})).$$

Considera-se ainda que os efeitos aleatórios são independentes entre si.

Para esse modelo (aleatório), o esquema de análise de variância é apresentado na Tabela 3.

A partir dessa análise de variância foram estimados:

- Variância ambiental entre parcelas: $\sigma^2 = QMR$.
- Variância ambiental entre médias de parcelas: $\sigma_e^2 = \frac{QMR}{r}$.
- Variância genotípica entre médias de progênies: $\sigma_g^2 = \frac{QMG QMB}{r}$
- Variância fenotípica entre médias de progênies: $\sigma_f^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2 = \frac{QMG}{r}$.
- Herdabilidade média de progênies: $h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2}$.

Tabela 3. Esquema de análise de variância para experimento em blocos ao acaso.

Fonte de variação	Graus de liberdade	Quadrados médios	E (QM)
Blocos	r-1	QMB	$\sigma^2 + g_{\sigma_b^2}$
Progênies	g-1	QMG	$\sigma^2 + r\sigma_g^2$
Resíduo	(r-1)(g-1)	QMR	σ^2

 $E(QM) = \mbox{ esperança matemática dos quadrados médios; } \sigma_b^2 = \mbox{ estimativa de variância entre blocos; }$

 σ_{g}^{2} = estimativa de variância genotípica; σ^{2} = estimativa de variância ambiental em nível de parcela; σ^{2} = número de blocos; σ^{2} = número de progênies.

- Coeficiente de variação genético: ${\rm CV_g}\% = \frac{100\sqrt{\sigma_g^2}}{{\rm m}}$.
- Coeficiente de variação ambiental entre médias de parcelas: ${\rm CV_e}\% = \frac{100\sqrt{\sigma_{\rm e}^2}}{{\rm m}}$
- Ganho de seleção (GS) = h2. (diferencial de seleção, DS).
- GS% = $\frac{\text{GS.}100}{\text{m}}$, em que m = média da característica em estudo (ex.: altura da árvore).

Correlações fenotípicas e genéticas

As correlações fenotípicas e genéticas entre os caracteres foram estimadas a partir das médias das progênies, de acordo com as equações:

$$r_{\mathsf{f}_{\mathsf{x}\mathsf{y}}} = \frac{\sigma_{\mathsf{f}_{\mathsf{x}}\mathsf{f}\,\mathsf{y}}}{\sqrt{\sigma_{\mathsf{f}_{\mathsf{x}}}^2\sigma_{\mathsf{f}_{\mathsf{y}}}^2}} \qquad \qquad r_{\mathsf{g}_{\mathsf{x}\mathsf{y}}} = \frac{\sigma_{\mathsf{g}_{\mathsf{x}}\mathsf{g}\,\mathsf{y}}}{\sqrt{\sigma_{\mathsf{g}_{\mathsf{x}}}^2\sigma_{\mathsf{g}_{\mathsf{y}}}^2}} \; ,$$

em que $\mathbf{f}_{\mathbf{f}_{xy}}$ e $\mathbf{f}_{\mathbf{g}_{xy}}$ são os coeficientes de correlação fenotípica e genética; $\mathbf{\sigma}_{\mathbf{f}_{x}\mathbf{f}_{y}}$ e são os produtos cruzados fenotípicos e genéticos dos caracteres x e y, estimados das análises de covariância; e , $\mathbf{\sigma}_{\mathbf{g}_{x}}^{2}$ e $\mathbf{\sigma}_{\mathbf{f}_{y}}^{2}$, $\mathbf{\sigma}_{\mathbf{g}_{y}}^{2}$ são as variâncias fenotípicas e genéticas dos caracteres x e y, respectivamente.

As análises de variância genética juntamente com o cálculo dos índices de seleção (descritos na seqüência) foram realizados com o programa GENES (CRUZ, 2006a,b). A diferença entre as médias foi obtida pelo teste de Tukey a 95 % de probabilidade, utilizando o programa SAS (SAS INSTITUTE, 2003). Quando necessário, foram feitas transformações dos dados para homogeneizar as variâncias e adequá-los à distribuição normal.

Seleção e índices

Neste estudo, serão simulados os métodos de seleção direta e indireta e os baseados em índices (CRUZ, 2006a). A seleção direta e indireta consiste na escolha de indivíduos que apresentem um comportamento favorável para determinada característica. As outras características, por sua vez, podem também ser favorecidas ou não, dependendo do sentido e da magnitude da correlação com o caráter selecionado.

O índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) é estimado de forma a maximizar a correlação entre o índice (I) e o agregado genotípico (H).

O índice I é dado por:

 $I = b_1 x_1 + b_2 x_2 + \dots b_n x_n$ e o agregado genotípico H, por:

$$H = a_1 g_1 + a_2 g_2 + ... a_n g_n$$

A correlação entre I e H é dada por:

$$r_{HI} = \frac{Cov(I,H)}{\sqrt{(V(I)V(H)}} = \frac{b'Ga}{\sqrt{(b'Pb)(a'Ga)}}$$



sendo:

G= matriz de variâncias e covariâncias genotípicas;

P= matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas;

 a= vetor de pesos econômicos das características estudadas, estabelecidos pelo melhorista;

$$a' = [a_1 \ a_2 \dots a_n];$$

b= vetor de coeficientes do índice estimado de modo que a correlação r_{HI} seja máxima;

$$b' = [b_1 \ b_2 \ \ b_n].$$

Na teoria de índice de seleção, o problema estatístico consiste em obter o vetor b de forma que r_{III} seja maximizada. A solução dessa maximização é dada por:

$$Pb = Ga; logo: b = P^{-1}Ga$$

No índice restrito de Kempthorne e Nordskog (1959), os coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a sua correlação com um agregado genotípico, mas sujeito à restrição de que, para certos caracteres, o ganho seja nulo, ou seja, que a covariância entre os escores do índice e o valor genético do caráter (Cov(I, g_j)) seja nula. Os coeficientes do índice são dados pela seguinte fórmula:

$$b = [I - P^{-1}GC (C'GP^{-1}GC)^{-1}C'G] P^{-1}Ga$$

em que:

b, I, P, G, a = como definidos no índice clássico;

C= matriz n x r de restrições (r é o número de restrições feitas no índice), de forma que

b'GC = 0. Sendo c_{ij} (i = 1,2...n e j = 1,2...r) elemento da matriz C, então se verifica:

$$c_{ij} = 1$$
 se $i = j$; e $cij = 0$, nos casos contrários.

O índice baseado em soma de ranks (MULAMBA; MOCK, 1978) consiste em classificar as famílias em relação a cada um dos caracteres em ordem favorável ao melhoramento. Uma vez classificadas, são somadas as ordens de cada família, referentes a cada caráter, resultando numa medida adicional tomada como índice de seleção, como descrito a sequir:

$$I = r_1 + r_2 + ... + r_n$$

sendo:

I = valor do índice para determinado indivíduo ou família;

r_i = classificação (ou rank) de um indivíduo em relação à j-ésima variável; e

n= número de variáveis consideradas no índice.

Adicionalmente, o procedimento permite que a ordem de classificação das variáveis tenha pesos diferentes. Assim, tem-se:

$$I = p_1 r_1 + p_2 r_2 + ... p_n r_n$$

O índice multiplicativo de Subandi et al. (1973) é dado por:

$$I = y_1^{k1} y_2^{k2} \dots y_n^{kn}$$
, em que:

y_i = valor da média do caráter j;

 $k_{j} = 1$, se for considerada a relação direta com a variável; e

 $\mathbf{k_i} = -1$, se for considerada a relação inversa do índice com a variável.

O índice da distância genótipo-ideótipo, descrito por Cruz (2006a), utiliza valores fenotípicos médios transformados (Y_{ij}) e o valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo sob seleção (VO_j) , os quais são posteriormente padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada característica pelo melhorista, obtendo-se os valores y_{ij} e vo_{ij} , conforme especificado a seguir:

$$y_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{Y_{ij}}{S(Y_j)}$$
 ; $vo_j = \sqrt{a_j} \frac{VO_j}{S(Y_j)}$

 $S(Y_j)$ = desvio-padrão dos valores fenotípicos médios obtidos pela transformação apresentada;

a_i= peso ou valor econômico da característica.

Calculam-se, então, os valores do índice (DGI), expressos pelas distâncias entre os genótipos e o ideótipo, conforme ilustrado:

$$I_{DGI} = \sqrt{\frac{\sum_{j=1}^{n} (y_{ij} - vo_j)^2}{n}}$$

Com base nesse índice, são identificados os melhores genótipos e calculados os ganhos por seleção. A partir dos valores y_{ij} , é feita a análise dos componentes principais, obtendo-se autovalores e autovetores associados à matriz de correlação entre as variáveis analisadas.

A intensidade de seleção simulada entre as progênies foi de 40 %, que correspondeu a 18 progênies selecionadas. Os vetores de pesos econômicos dos índices de seleção foram escolhidos de dois modos: aleatório (análise subjetiva da relação entre as características que proporcionariam maior ganho econômico) e utilizando o coeficiente de variação genotípica (CVG) de cada característica.

Resultados e Discussão

Observa-se, na Tabela 4, que houve diferença significativa dentro de cada caráter observado entre as progênies (Tukey, P<0,05) de *Pinus tecunumanii*. Os coeficientes de variação ambiental foram de 6,1 % para altura, 10,9 % para circunferência à altura do peito (CAP), 5,2 % para forma do caule, 16,9 % para espessura do galho, 36,7 % para sobrevivência e 26 % para volume. Missio et al. (2004), estudando índices de seleção em progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, aos 13 anos, em Selvíria, MS, encontraram coeficientes de variação ambiental de 5,8 % para altura, 12,1% para diâmetro à altura do peito (DAP) e 22,9 % para volume.

Tabela 4. Valores médios das características observadas em 45 famílias de *Pinus tecunumanii*.

Famílias ⁽¹⁾		Altura	CAP ⁽²⁾	Forma do	Espessura	Volume	Sobrevi-
		(m)	(cm)	caule ⁽³⁾	do galho ⁽³⁾	(m³.arvore ⁻¹)	vência (%)
BR405	1	22,1 ab	73,3 ch	3,24 be	2,83 a	0,96 ag	86 a
CE262	2	20,6 ag	66,8 gh	3,41 ad	2,14 ae	0,74 fg	58 ae
CE264	3	22,0 ac	80,6 ag	3,37 ad	2,27 ae	1,16 ag	57 ae
CE269	4	20,9 ag	69,7 fh	3,20 ce	2,70 ad	0,82 fg	65 ae
CE272	5	21,9 ad	82,9 ag	3,47 ac	2,54 ae	1,22 af	75 ac
C0200	6	20,9 ag	78,6 ah	3,39 ad	2,12 ae	1,05 ag	68 ad
C0206	7	20,0 bg	72,2 dh	3,32 ae	2,22 ae	0,83 dg	41 be
K3165	8	18,8 g	73,1 ch	3,46 ac	2,29 ae	0,81 fg	66 ae
K3169	9	18,9 g	72,4 dh	3,31 ae	2,77 ac	0,80 fg	42 be
K3180	10	19,5 eg	78,7 ah	3,33 ad	1,83 e	0,98 ag	46 ae
K7172	11	19,5 eg	82,3 ag	3,36 ad	2,13 ae	1,08 ag	45 ae
K7178	12	19,7 cg	75,6 ah	3,30 ae	1,93 e	0,91 dg	27 e
K7181	13	20,5 ag	77,1 ah	3,41 ad	2,40 e	0,99 ag	66 ae
LS137	14	20,8 ag	80,8 ag	3,31 ae	2,02 de	1,09 ag	42 be
LS146	15	20,4 ag	77,2 ah	3,40 ad	1,98 de	1,00 ag	46 ae
LS154	16	22,1 ab	90,1 a	3,33 ad	2,11 ae	1,46 ab	56 ae
LS58	17	19,8 bg	70,7 fh	3,47 ac	2,30 ae	0,80 fg	46 ae
LT217	18	19,5 fg	77,2 ah	3,39 ad	2,22 ae	0,99 ag	45 ae
LT222	19	20,6 ag	70,8 fh	3,31 ae	2,70 ad	0,83 dg	63 ae
LT231	20	18,9 g	77,3 ah	3,00 e	2,26 ae	0,92 dg	41 ce
LT235	21	21,3 af	86,3 ad	3,38 ad	1,99 de	1,29 ad	58 ae
LT239	22	20,6 ag	75,2 ah	3,38 ad	2,40 ae	0,94 cg	67 ad
LT244	23	22,7 a	89,5 ac	3,38 ad	2,16 ae	1,45 ac	76 ad
SJ10	24	20,4 ag	76,2 ah	3,11 de	2,09 be	0,96 ag	47 ae
SJ101	25	21,9 ad	86,3 ad	3,27 be	2,00 de	1,31 ad	85 a
SJ35	26	20,1 bg	68,2 fh	3,36 ad	2,46 ae	0,75 fg	65 ae
SJ36	27	21,4 af	87,7 ad	3,26 be	2,27 ae	1,34 ad	73 ac
SJ905	28	21,4 af	81,4 ag	3,38 ad	2,03 ce	1,13 ag	71 ac
SL14	29	20,8 ag	67,6 fh	3,29 ae	2,22 ae	0,76 fg	33 de

Continua...

Tabela 4. Continuação.

Famílias ⁽¹⁾)	Altura (m)	CAP ⁽²⁾ (cm)	Forma do caule ⁽³⁾	Espessura do galho ⁽³⁾	Volume (m³.arvore ⁻¹)	Sobrevi- vência (%)
SL2	30	22,0 ad	86,1 ad	3,60 a	2,30 ae	1,31ad	61 ae
SL3	31	21,5 af	81,1 ag	3,30 ae	2,31 ae	1,13 ag	57 ae
SL47	32	21,8 ae	91,4 a	3,53 ab	2,41 ae	1,46 ab	50 ae
SL7	33	20,4 bg	74,1ch	3,30 ae	2,38 ae	0,90 dg	38 ce
SL72	34	20,0 bg	76,0 ah	3,51 ac	2,80 ab	0,96 ag	45 ae
SL78	35	20,9 ag	82,2 ag	3,32 ae	1,96 e	1,13 ag	49 ae
SV115	36	21,3 af	80,0 ah	3,40 ad	2,37 ae	1,10 ag	72 ac
SV189	37	20,7 ag	73,2 ch	3,33 ad	1,90 e	0,89 dg	67 ad
SV191	38	20,6 ag	74,4 ch	3,20 ce	2,26 ae	0,95 bg	55 ae
SV81	39	21,4 af	86,5 ad	3,33 ad	2,41 ae	1,30 ad	37 ce
SV82	40	20,1 bg	69,1 fh	3,24 be	2,28 ae	0,77 fg	53 ae
SV83	41	19,6 dg	77,8 ah	3,32 ae	2,30 ae	0,95 ag	50 ae
SV89	42	20,5ag	73,9 ch	3,26 be	2,44 ae	0,94 dg	65 ae
SV90	43	19,9 bg	63,8 h	3,42 ad	2,57 ae	0,66 g	46 ae
SV91	44	21,4 af	83,8 af	3,33 ad	2,06 ce	1,23 af	59 ae
SV97	45	21,1ag	77,2 ah	3,32 ae	2,56 ae	1,02 ag	82 ab
CV _e (%)		6,0	10,9	5,2	16,9	26,0	36,7

⁽¹)Testemunhas: CO200, CO206 e BR405; Procedências testadas: CE = Celaque; K3 = km 33, k7 = km 47, LS = La Soledad, LT = Las Trancas, SJ = San Jerônimo, SL = San Lorenzo, SV = San Vicente; (²)CAP = circunferência à altura do peito; (³) adimensionais; (⁴) CV_e (%) = coeficiente de variação experimental.

Na Tabela 5, são mostradas as estimativas das variâncias genotípica, fenotípica e ambiental entre médias de progênies, de herdabilidade média de progênies e dos coeficientes de variação genética e ambiental, para os seis caracteres estudados de *P. tecunumanii*, aos 20 anos. Nota-se que as herdabilidades para todos os caracteres foram altos. Moura e Dvorak (1998), em estudo sobre o desempenho de procedências e famílias de *P. tecunumanii*, de 12 anos, na região do Cerrado, observaram que as herdabilidades médias das famílias foram 82 % para altura, 85 % para DAP, 86 % para volume, 60 % para forma do caule e 79 % para espessura do galho.

Tabela 5. Estimativas da variância genotípica (σ_g^2) , fenotípica (σ_f^2) e ambiental (σ_e^2) entre médias de progênies, de herdabilidade média de progênies (h^2) e dos coeficientes de variação genética (CV_g) e ambiental (CV_e) , para os seis caracteres estudados em *P. tecunumanii*, aos 20 anos, em Planaltina, DF.

			Cara	áter		
Parâmetros	Altura (m)	CAP (cm)	Forma do caule	Espessura do galho	Volume	Sobrevi- vência
$\sigma_{g}^{^2}$	0,72	36,1	0,0074	0,0447	0,0351	0,0152
$\sigma_{f}^{^2}$	0,89	44,1	0,0108	0,0612	0,0430	0,0200
$\sigma_{\rm e}^2$	0,17	8,0	0,0034	0,0165	0,0079	0,0048
h² (%)	80,5	81,8	68,8	73,1	81,7	76,1
CV _g (%)	4,1	7,74	2,58	9,27	18,3	21,8
CV _g /CV _e	0,68	0,71	0,49	0,55	0,70	0,59

CAP = circunferência à altura do peito.

Nota-se, na Tabela 6, que as correlações genotípicas foram ligeiramente superiores às fenotípicas. A altura das árvores e o CAP obtiveram correlações genotípicas positivas com a maioria dos caracteres. Entre esses dois caracteres, observa-se que a primeira só foi inferior à segunda, em relação ao volume. A existência de correlação genética entre os caracteres significa que a seleção para uma característica provoca mudanças em outras. A avaliação do sentido e da magnitude dessas mudanças é fundamental para que se obtenha, no final de um programa de melhoramento, materiais genéticos que possuam comportamento superior para uma série de características (CRUZ, 2005).

Na Tabela 7, são mostradas as estimativas de progressos genéticos para as características observadas, utilizando diversos índices e a seleção direta. Nota-se que, quando se utilizou o peso 1 (aleatório), em que se deu pesos especiais para os caracteres CAP e volume, houve igualdade entre os índices clássico, soma de ranks, distância genótipo-ideótipo e seleção direta sobre o volume. Quando se utilizou o peso 2, baseado no coeficiente de variação genético de cada caráter,

observou-se um acréscimo apreciável no caráter sobrevivência nos índices soma de ranks e distância genótipo-ideótipo, o que não aconteceu no índice restrito, em que a sobrevivência foi similar entre os pesos 1 e 2. No índice clássico, o uso tanto do peso 1 como do peso 2 não afetou substancialmente os ganhos de seleção de cada caráter. Essa estabilidade, quando utilizaram diversos pesos para o índice clássico, também foi observada por Missio et al. (2004) em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*, aos 13 anos. A seleção direta sobre a altura das árvores mostrou um dos maiores ganhos totais, puxado principalmente pelo caráter sobrevivência.

Tabela 6. Estimativas das correlações genotípicas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal), entre pares de caracteres em *Pinus tecunumanii* aos 20 anos, em Planaltina, DF.

			Caráte	er		
Caráter	Altura	CAP	Forma do caule	Diâmetro do galho	Volume	Sobrevi- vência
Altura	1	0,61	0,22	-0,0035	0,74	0,71
CAP	0,59	1	0,16	-0,31	0,98	0,27
Forma caule	0,20	0,19	1	0,15	0,20	0,11
Espes. galho	-0,023	-0,33	0,081	1	-0,25	0,25
Volume	0,73	0,98	0,21	-0,27	1	0,37
Sobreviv.	0,55	0,20	0,092	0,19	0,28	1

CAP= circunferência à altura do peito.

As progênies selecionadas de acordo com o método empregado são apresentadas na Tabela 8. Observa-se que os índices clássico, soma de ranks, distância genótipo-ideótipo não tiveram um ordenamento igual. Se fizéssemos a seleção direta sobre a altura e o volume nas nove melhores progênies, de acordo com cada método, haveria cinco progênies em comum.

Índice

multiplicativo

Tabela 7. Estimativas de progressos genéticos para as características observadas em *Pinus tecunumanii*, utilizando diversos índices e seleção direta com diferentes pesos.

Índice

restrito(2)

Ganhos de seleção (%)

Soma de

ranks⁽¹⁾

Soma de ranks⁽²⁾

Índice

restrito(1)

Caráter

Índice

clássico⁽¹⁾

Índice

clássico(2)

					(70)		
Altura	2,98	3,04	3,14	3,32	2,98	3,36	3,36
CAP	6,96	6,88	6,08	6,44	6,96	5,27	5,27
Forma caule	0,67	0,59	0,73	0,52	0,67	0,71	0,71
Espes. galho	-2,87	-2,1	0,84	-0,66	-2,87	0,09	0,09
Volume	16,84	16,7	15,38	16,14	16,84	13,81	13,81
Sobrevivência	5,49	6,57	9,62	9,92	5,49	15,05	15,05
Σ (somatória)	30,07	31,68	35,79	35,68	30,07	38,29	38,29
Caracteres	Índice	Índice		Seleção direta		Peso	S**
	genótipo	genótipo					
	ideótipo ⁽¹⁾	ideótipo ⁽²⁾	Altura	CAP	Volume	(aleatórios)	(CVG)
	ideótipo ⁽¹⁾		Altura os de seleção		Volume	(aleatórios)	(CVG)
Altura	ideótipo ⁽¹⁾ 2,98				Volume 2,98	(aleatórios) 3	(CVG) 4,1
Altura CAP		Ganh	os de seleção	(%)			
	2,98	Ganh 3,02	os de seleção 3,62	(%) 2,69	2,98	3	4,1
CAP	2,98 6,96	Ganh 3,02 5,31	os de seleção 3,62 5,49	(%) 2,69 6,97	2,98 6,96	3 10	4,1 7,7
CAP Forma caule	2,98 6,96 0,67	Ganh 3,02 5,31 0,72	os de seleção 3,62 5,49 0,42	(%) 2,69 6,97 0,61	2,98 6,96 0,67	3 10	4,1 7,7 2,6
CAP Forma caule Espes. galho	2,98 6,96 0,67 -2,87	Ganh 3,02 5,31 0,72 -0,6	os de seleção 3,62 5,49 0,42 0,64	(%) 2,69 6,97 0,61 -3,39	2,98 6,96 0,67 -2,87	3 10 3 1	4,1 7,7 2,6 9,3

^{**}Para alguns índices foram utilizados dois conjuntos de peso: (1) aleatório e (2) CVG = coeficiente de variação genético; CAP = circunferência à altura do peito.

Tabela 8. Progênies selecionadas de *Pinus tecunumanii*, em ordem decrescente, de acordo com o método empregado, onde: I.C.= índice clássico, I.R.= índice restrito, S.R.= soma de ranks , G.I.= índice da distância genótipo-ideótipo, I.M.= índice multiplicativo e S.D.A., S.D.C. e S.D.V.= seleção direta sobre altura, CAP e volume, respectivamente.

I.C.(1) I.C.(2) I.R.(1) I.R.(2) S.R.(1) S.R.(2) G.I.(1) G.I.(2) I.M. S.D.A. S.D.C. S.D.V. 32 23 32 32 32 23 30 5 23 23 32 16 23 32 23 23 5 5 27 5 16 16 16 32 16 16 16 16 16 27 23 23 25 1 23 23 27 27 27 30 25 21 30 27 3 27 27 25 25 39 25 5 30 39 25 30 30 39 25 21 30 30 30 27 45 32 36 32 25 21 30 39 21 5 5 39 36 27 45 1 5 25 39 30 39 25 32 25 28 45 32 30 21
23 32 23 23 23 5 5 27 5 16 16 32 16 16 16 16 16 27 23 23 25 1 23 23 27 27 27 27 30 25 21 30 27 3 27 27 25 25 39 25 5 30 39 25 30 30 39 25 21 30 30 30 27 45 32 36 32 25 21 30 39 21 5 5 39 36 27 45 1 5 25 39 30 39 25 32 25 28 45 32 30 21
16 16 16 16 16 27 23 23 25 1 23 23 27 27 27 27 30 25 21 30 27 3 27 27 25 25 39 25 5 30 39 25 30 30 39 25 21 30 30 30 27 45 32 36 32 25 21 30 39 21 5 5 39 36 27 45 1 5 25 39 30 39 25 39 25 32 25 28 45 32 30 21
27 27 27 27 30 25 21 30 27 3 27 27 25 25 39 25 5 30 39 25 30 30 39 25 21 30 30 30 27 45 32 36 32 25 21 30 39 21 5 5 39 36 27 45 1 5 25 39 30 39 25 39 25 32 25 28 45 32 30 21
25 25 39 25 5 30 39 25 30 30 39 25 21 30 30 30 27 45 32 36 32 25 21 30 39 21 5 5 39 36 27 45 1 5 25 39 30 39 25 39 25 32 25 28 45 32 30 21
21 30 30 30 27 45 32 36 32 25 21 30 39 21 5 5 39 36 27 45 1 5 25 39 30 39 25 39 25 32 25 28 45 32 30 21
39 21 5 5 39 36 27 45 1 5 25 39 30 39 25 39 25 32 25 28 45 32 30 21
30 39 25 39 25 32 25 28 45 32 30 21
44 5 21 21 1 44 32 16 31 44 44
5 44 44 44 44 16 28 3 36 39 5 5
35 28 36 36 28 28 36 44 28 28 11 3
28 31 31 31 3 3 3 31 21 44 35 31
11 36 45 45 36 6 31 13 3 27 28 28
31 35 3 3 31 44 16 21 44 21 31 35
36 3 11 28 35 31 35 6 31 36 14 36
3 11 28 1 6 13 6 22 6 45 3 14
14 45 34 11 11 21 11 42 13 6 36 11
6 14 1 35 14 22 14 16 22 4 10 6

⁽¹)Peso = 3; 10; 3; 1; 1; 10 e (²)Peso = 4,1; 7,7; 2,6; 9,3; 21,8; 18,3, respectivamente para altura, circunferência à altura do peito (CAP), forma do caule, espessura do galho, sobrevivência e volume.

Conclusões

A seleção direta sobre a altura, o índice soma de ranks (utilizando o coeficiente de variação genético de cada caráter como peso) e o índice multiplicativo apresentaram ganhos de seleção superiores e mais equilibrados que os demais métodos.

As herdabilidades médias para cada caráter estudado foram altas, predizendo uma boa transmissão desses para a média de cada descendência.

Referências

CRUZ, C. D. Princípios de genética quantitativa. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.

CRUZ, C. D. Programa GENES: biometria. Viçosa: UFV, 2006a. 382 p.

CRUZ, C.D. **Programa GENES**: estatística experimental e matrizes. Viçosa: UFV, 2006b. 283 p.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Austin, v. 28, p. 476-490, 1943.

KEMPTHORNE, O.; NORDSKOG, A. W. Restriction selection índices. **Biometrics**, Washington, v. 15, p. 1-19, 1959.

MARTO, G. B. T.; BARRICHELO, L. E. G.; MÜLLER, P. C. H. Indicações para escolha de espécies de pinus. Disponível em: < http://www.ipef.br/silvicultura/escolha_pinus.asp>. Acesso em: 13 jul. 2006.

MISSIO, R. F.; CAMBUIM, J.; MORAES, M. L. T. de; PAULA, R. C. de. Seleção simultânea de caracteres em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 66, p. 161-168, 2004.

MOURA, V. P. G.; DVORAK, S. Provenance and family performance of *Pinus tecunumanii* at 12 years of age in the cerrado region of Brazil. **Forest Genetics**, Liptovsky Mikulas, v. 5, n. 3, p. 137-145, 1998.

MOURA, V. P. G.; VALE, A. T. Variabilidade genética na densidade básica da madeira de *Pinus tecunumanii* procedente do México e da América Central, no cerrado. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 62, p. 104-113, 2002.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytolology**, Alexandria, v. 7, p. 40-51, 1978.

SAS INSTITUTE. **The SAS-system for windows**: release 9.1 (software). Cary, 2003.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, London, v. 7, p. 240-250, 1936.

SUBANDI, W.; COMPTON, A.; EMPIG, L. T. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. **Crop Science**, Madison, v. 13, p. 184-186, 1973.