

**Índices de Seleção para Famílias
de Meios-irmãos de *Pinus
caribaea* var. *hondurensis***





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

ISSN 1676-918X

Setembro, 2006

Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 174

Índices de Seleção para Famílias de meios-irmãos de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*

Sebastião Pires de Moraes Neto
José Teodoro de Melo

Planaltina, DF
2006

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Cerrados

BR 020, Km 18, Rod. Brasília/Fortaleza

Caixa Postal 08223

CEP 73310-970 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 Nogueira*

Supervisão editorial: *Maria Helena Gonçalves Teixeira*

Revisão de texto: *Maria Helena Gonçalves Teixeira*

Normalização bibliográfica: *Rosângela Lacerda de Castro*

Tratamento de ilustrações:

Capa: *Leila Sandra Gomes Alencar*

Foto da capa:

Editoração eletrônica: *Leila Sandra Gomes Alencar*

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 nº 9.610).

CIP-Brasil. Catalogação na publicação.
Embrapa Cerrados.

xxxx

Moraes Neto, Sebastião Pires de.

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

21 p. – (Boletim de pesquisa e desenvolvimento / Embrapa Cerrados, ISSN 1676-918X ; 174)

1. xxxxx. 2. xxxx. 3. xxxx. I. Melo, José Teodoro de. II. Série.

633.2 - CDD 21

© Embrapa 2006

Sumário

Resumo	5
Abstract	6
Introdução	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 caribaea* var. *hondurensis*

*Sebastião Pires de Moraes Neto*¹

*José Teodoro de Melo*²

Resumo

Pinus caribaea var. *hondurensis* (Sénécl) Barr. e Golf. é uma espécie tropical que ocorre naturalmente nas terras baixas de Belize, El Salvador, Guatemala, Honduras, Nicarágua e no leste do México. Essa espécie tem sido uma das mais estudadas entre os pinus tropicais e uma das mais importantes comercialmente no centro e norte do Brasil. O objetivo deste trabalho foi comparar métodos de seleção para famílias de meios irmãos como subsídio para estabelecimento de 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 (forma do caule, espessura do galho e sobrevivência, além dos três citados anteriormente) 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 cinco procedências e 47 famílias de polinização aberta de *P. caribaea* var. *hondurensis* foi instalado próximo a Planaltina, DF, região do Cerrado, em 1984, e medido aos 20 anos. As herdabilidades médias de progênies foram 72 % para altura, 80 % para CAP, 86 % para forma do caule, 69 % para espessura do galho, 81 % para volume e 42 % para sobrevivência. O índice soma de ranks e da distância genótipo-ideótipo - ambos utilizando o coeficiente de variação genético de cada caráter, como peso - e o índice multiplicativo mostraram um ganho de seleção superior e mais equilibrado do que outros métodos.

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

¹ Eng. Florest., D.Sc., Embrapa Cerrados, spmoraesn@cpac.embrapa.br

² Eng. Florest., D.Sc., Embrapa Cerrados, teodoro@cpac.embrapa.br

Selection indices to *Pinus caribaea* var. *hondurensis*

Abstract

Pinus caribaea var. *hondurensis* (Sénécl) Barr. e Golf. is a tropical pine that naturally occurs in lowland areas of Belize, El Salvador, Guatemala, Honduras, Nicaragua, and eastern Mexico. It has been one of most studied tropical pines and the one with the most commercial importance in Brazil. 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-high circumference – 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 additions index, on restricted selection index, multiplicative index and index based in genotype-ideotype distance. The trial with five provenances and 47 open-pollinated families were planted near Planaltina, Federal District, in the Cerrado region of Brazil, in 1984 and assessed at 20 years old. The heritabilities for the family means was 72 % for height, 80 % for BHC, 86 % for stem form, 69 % for branch diameter, 81 % for volume and 42 % for survival. The rank additions index and index based on genotype-ideotype distance, both 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 caribaea var. *hondurensis* é uma espécie tropical que ocorre naturalmente nas terras baixas de Belize, El Salvador, Guatemala, Honduras, Nicarágua e numa localidade do Estado de Quintana Roo, México. A espécie tem grande importância comercial em locais como Queensland, Austrália, Regiões Norte e Central do Brasil, Ilhas Fiji e Venezuela ([MOURA; DVORAK, 2001](#)). Essa espécie pode ser usada para arborização de parques e jardins, celulose, estacas e moirões, laminação, lenha e carvão, particulados (aglomerado, OSB, *waferboard*), resina e serraria ([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 as dos produtores ([MISSIO, 2004](#)). Contudo, existem vários métodos de seleção simultânea de caracteres ([CRUZ, 2006a](#)), tornando-se necessária a comparação deles 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 meios irmãos de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* como subsídio para o estabelecimento de um pomar de sementes em região do Cerrado do Distrito Federal.

Material e Métodos

As sementes de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* foram coletadas de 172 árvores mães em Honduras e na Guatemala pela CAMCORE (Central América and Mexico Coniferous Resources Cooperative) e a National School of Forest Science (ESNACIFOR), localizada em Siguatepeque, Honduras. As árvores selecionadas nos sítios originais variaram na qualidade fenotípica de média a excelente e estavam separadas por, pelo menos, 100 m de distância ([BALOCCHI, 1990](#)).

Dessas árvores colhidas, parte das sementes foi enviada para o Brasil, para a Colômbia e para a Venezuela. No Brasil, foi estabelecido um ensaio na Embrapa Cerrados, em Planaltina, DF, com cinco procedências centro-americanas, representadas por 47 famílias ou progênes de polinização aberta ([Tabela 1](#)). O ensaio foi instalado 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⁻¹, com pronunciada estação seca de quase seis meses de duração O solo é laterítico (oxisol), profundo, altamente lixiviado e de baixa fertilidade (Tabela 2).

Tabela 1. Informações sobre as procedências de *P. caribaea* var. *hondurensis* incluídas no ensaio.

Procedência	País	Latitude	Altitude (m)	Precipitação média anual (mm)
Poptun	Guatemala	16° 21' N	470-580	1.688
Gualjoco	Honduras	14° 55' N	240-355	1.200
Los Limones	Honduras	14° 8' N	660-750	616
El Porvenir	Honduras	14° 23' N	550-600	805
Santa Cruz de Yojoa	Honduras	14° 53' N	530-720	2.758

Tabela 2. Características químicas e texturais do solo.

pH em água	P mg/kg ⁻¹	Kcmol _c /dm ⁻³	Ca	Mg	Al	H+Al	Argila	Silte	Areia
						%		
4,8	0,1	0,07	0,17	0,07	0,38	6,16	52	13	35

Cinco testemunhas de sementes comerciais foram incluídas no teste: uma da Companhia Agroflorestal Monte Alegre (CAFMA), Agudos, São Paulo [controle do Brasil (BR407)] e outras representando quatro famílias originárias de Honduras (controles da CAMCORE): La Mosquitia (CO78), San Nicolas (CO79), San Estéban (CO80) e Los Limones (CO81). O ensaio foi estabelecido num delineamento em blocos de famílias compactas, replicada nove vezes com seis árvores por família, plantadas de forma linear. O espaçamento foi de 3 m x 3 m. O número de famílias em cada procedência variou de 7 a 16. No delineamento de família compacta, as famílias de uma mesma procedência são agrupadas num mesmo local, onde a junção dos agrupamentos de outras procedências, junto com as cinco testemunhas, forma um bloco ou repetição. A posição das famílias dentro de cada agrupamento, e de cada agrupamento, foi distribuída ao acaso em cada bloco.

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 de 1 a 3 para o segundo. O volume foi calculado como se fosse um cilindro, ou seja:

$$\text{Volume (m}^3\text{)} = \pi \cdot (\text{Raio})^2 \cdot \text{Altura} \Delta \text{ Raio} = \frac{\text{CAP}}{2}, \text{ em que CAP} = \text{circunferência à altura do peito (m)}$$

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_{ij} = observação na i -ésima progênie e j -ésima repetição.

m = média geral.

g_i = efeito da i -ésima progênie, $i = 1, 2 \dots g$ [$g_i \sim \text{NID}(0, \frac{\sigma_g^2}{g})$].

b_j = efeito do j -ésimo bloco, $j = 1, 2 \dots r$ [$b_j \sim \text{NID}(0, \frac{\sigma_b^2}{b})$].

e_{ij} = erro aleatório [$e_{ij} \sim \text{NID}(0, \frac{\sigma_e^2}{e})$].

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.

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	$\hat{\sigma}^2 + g \sigma_b^2$
Progênies	$g-1$	QMG	$\hat{\sigma}^2 + r \sigma_g^2$
Resíduo	$(r-1)(g-1)$	QMR	$\hat{\sigma}^2$

E(QM) = esperança matemática dos quadrados médios; σ_b^2 = estimativa de variância entre blocos; σ_g^2 = estimativa de variância genotípica; $\hat{\sigma}^2$ = estimativa de variância ambiental em nível de parcela; r = número de blocos; g = número de famílias.

A partir dessa análise de variância foram estimados:

- Variância ambiental entre parcelas: $\sigma_e^2 = \text{QMR}$.

- Variância ambiental entre médias de parcelas: $\sigma_e^2 = \frac{\text{QMR}}{r}$.

- Variância genotípica entre médias de progênies: $\sigma_g^2 = \frac{\text{QMG} - \text{QMB}}{r}$.

- Variância fenotípica entre médias de progênies: $\sigma_f^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2 = \frac{\text{QMG}}{r}$.

- Herdabilidade média de progênies: $h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2}$.

- Coeficiente de variação genético: $\text{CV}_g \% = \frac{100 \sqrt{\frac{\sigma_g^2}{m}}}{m}$.

- Coeficiente de variação ambiental entre médias de parcelas: $\text{CV}_e \% = \frac{100 \sqrt{\frac{\sigma_e^2}{m}}}{m}$.

- Ganho de seleção (GS) = h^2 (diferencial de seleção, DS).

- $\text{GS \%} = \frac{\text{GS} \cdot 100}{m}$, 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:

$$r_{f_{xy}} = \frac{f_x f_y}{\sqrt{\frac{\sigma_x^2}{f_x} \frac{\sigma_y^2}{f_y}}} \quad r_{g_{xy}} = \frac{g_x g_y}{\sqrt{\frac{\sigma_x^2}{g_x} \frac{\sigma_y^2}{g_y}}}$$

em que, $r_{f_{xy}}$ e $r_{g_{xy}}$ são os coeficientes de correlação fenotípica e genética; $f_x f_y$ e $g_x g_y$ são os produtos cruzados fenotípicos e genéticos dos caracteres x e y, estimados das análises de co-variância, e $\sigma_{f_x}^2$, $\sigma_{g_x}^2$ e $\sigma_{f_y}^2$, $\sigma_{g_y}^2$ 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 realizadas 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 foram simulados métodos de seleção direta e indireta e os baseados em índices (CRUZ, 2006a). A intensidade de seleção simulada foi de 40 % em relação ao total das progênes.

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: $H = a_1 g_1 + a_2 g_2 + \dots + a_n g_n$.

A correlação entre I e H é dada por:

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

sendo:

G = matriz de variâncias e co-variâncias genotípicas.

P = matriz de variâncias e co-variâncias 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.

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

Como já mencionado, na teoria de índice de seleção, o problema estatístico consiste em obter o vetor b de forma que r_{HI} 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 co-variância 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:

$$b = [I - P^{-1}GC (C'GP^{-1}C'G)P^{-1}]Ga, \text{ em que:}$$

b = vetor de coeficientes do índice estimado.

I = valor do índice de seleção.

P = matriz de variâncias e co-variâncias fenotípicas.

G = matriz de variâncias e co-variâncias genotípicas.

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

C = matriz $n \times r$ de restrições (r é o número de restrições feitas no índice), de forma que $b'GC = 0$. Sendo c_{ij} ($i = 1, 2, \dots, n$ e $j = 1, 2, \dots, r$) elemento da matriz C ,

então se verifica:

$c_{ij} = 1$ se $i = j$; e $c_{ij} = 0$ 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 seguir:

$I = r_1 + r_2 + \dots + r_n$, sendo:

I = valor do índice para determinado indivíduo ou família.

r_j = classificação (ou rank) de um indivíduo em relação à j -ésima variável.

n = número de variáveis consideradas no índice.

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

$I = p_1 r_1 + p_2 r_2 + \dots + p_n r_n$, sendo:

p_j = o peso econômico atribuído pelo usuário à j -ésima característica.

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

$I = y_1^{k_1} y_2^{k_2} \dots y_n^{k_n}$, em que:

y_j = valor da média do caráter j .

$k_j = 1$, se for considerada a relação direta com a variável.

$k_j = -1$, se for considerada a relação inversa do índice com a variável.

O índice da **distância genótipo-ideótipo**, descrito por Cruz (2005), 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_j , conforme especificado a seguir:

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

$S(Y_j)$: desvio-padrão dos valores fenotípicos médios obtidos pela transformação apresentada; a_j : 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 neste 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.

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 variação significativa (Tukey, $P < 0,05$) dentro de cada característica, a nível significante para as progênies de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. Os coeficientes de variação ambiental foram 6,6 % para altura, 9,8 % para circunferência à altura do peito (CAP), 9,2 % para forma do caule, 10,3 % para espessura do galho, 22,3 % para sobrevivência e 22,7 % para volume. [Ettori et al. \(2004\)](#) em estudo sobre variação genética em procedências e progênies mexicanas de *Pinus maximinoi* de 12 anos, instaladas na Floresta Estadual de Angatuba, encontraram coeficientes de variação ambiental de 11,8 % para altura, 24,9 % para diâmetro à altura do peito (DAP), 41,2 % para forma do caule e 36 % para espessura do galho.

Tabela 4. Valores médios das características observadas em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*.

Famílias ⁽¹⁾		Altura (m)	CAP ⁽²⁾ (cm)	Forma do caule ⁽³⁾	Espessura do galho ⁽³⁾	Volume (m ³ /arvore ¹)	Sobrevivência (%)
BR407	1	22,8 ae	87 ab	3,15 ae	2,56 ac	1,38 ad	88 a
C078	2	21,2 bf	77 bf	2,76 bl	2,57ac	1,03 bh	64 a
C079	3	21,4 af	84 ad	2,42 l	2,54 ac	1,21 ag	61 a
C080	4	22,2 af	80 af	2,81 bl	2,51 ac	1,15 bh	77 a
C081	5	21,4 af	74 bf	2,81 bl	2,86 ab	0,94 ch	76 a
EP132	6	22,6 ae	84 ad	2,84 bl	2,49 ac	1,29 ag	90 a
EP137	7	21,3 bf	74 bf	2,88 ai	2,57 ac	0,92 dh	86 a
EP140	8	22,1 af	84 ad	2,78 bl	2,54 ac	1,27 ag	86 a
EP142	9	19,4 f	67 f	2,93 ai	2,88 ab	0,70 h	66 a
EP161	10	20,9 cf	78 bf	3,01 ai	2,62 ac	1,02 bh	82 a
EP164	11	21,0 bf	74 bf	3,06 ag	2,86 ab	0,92 ch	70 a
EP173	12	20,6 df	70 df	2,89 ai	2,96 a	0,82 gh	75 a
GJ278	13	20,3 ef	77 bf	2,36 l	2,36 bc	0,98 ch	75 a
GJ282	14	22,6 ae	74 bf	2,82 bl	2,82 ac	1,04 bh	69 a
GJ287	15	22,5 ae	87 ab	2,94 ai	2,57 ac	1,38 ad	91 a
GJ288	16	21,1 bf	74 bf	2,52 hl	2,45 ac	0,95 ch	75 a
GJ293	17	22,2 ae	83 ae	2,74 cl	2,93 a	1,23 ag	90 a
GJ299	18	21,7 af	79 af	2,77bl	2,82 ac	1,09 bh	74 a
GJ311	19	21,7 af	81 af	2,51 il	2,59 ac	1,16 bh	93 a
GJ320	20	22,5 ae	79 af	2,47 l	2,60 ac	1,13bh	85 a
LL239	21	21,7 af	77 bf	2,73 cl	2,91 ab	1,02 bh	77 a
LL242	22	22,9 ae	84 ad	3,13 ae	2,67 ac	1,29ag	86 a
LL244	23	21,4 af	72 df	3,09 af	2,55 ac	0,89 eh	76 a
LL250	24	22,3 ae	76 bf	2,61 fl	2,97 a	1,04 bh	89 a
LL255	25	22,6 ae	72 cf	3,03 ah	2,89 ab	0,94 ch	83 a
LL257	26	22,9 ae	83 ae	3,21ac	2,92 a	1,28 ag	82 a
LL258	27	22,1 ae	73 bf	2,81 bl	2,75 ac	0,96 ch	71 a

Continua...

Tabela 4. Continuação.

Famílias ⁽¹⁾		Altura (m)	CAP ⁽²⁾ (cm)	Forma do caule ⁽³⁾	Espessura do galho ⁽³⁾	Volume (m ³ /arvore ⁻¹)	Sobrevivência (%)
LL261	28	24,1 a	93 a	3,03 ag	2,79 ac	1,69 a	77 a
P017	29	22,4 ae	81 af	3,13 ae	2,85 ab	1,19 bg	81 a
P027	30	23,7 ab	88 ab	3,38 a	2,95 a	1,47 ab	91 a
P030	31	22,9 ae	83 ae	3,11 af	2,83 ac	1,28 ag	88 a
P031	32	22,8 ae	77 bf	3,04 ag	2,82 ac	1,09 bh	85 a
P033	33	22,2 ae	77 bf	3,17 ad	2,71 ac	1,07 bh	81 a
P034	34	21,0 bf	72 cf	3,14 ae	2,98 a	0,88eh	89 a
P035	35	22,5 ae	74 bf	3,02 ai	2,76 ac	1,01 bh	81 a
P041	36	22,8 ae	85 ad	3,04 ag	2,86 ab	1,31 af	89 a
P043	37	22,3 ae	76 bf	2,99 ai	2,81 ac	1,04 bh	93 a
P045	38	21,5 af	71 df	3,21 ac	2,94 a	0,89 eh	82 a
P046	39	22,1 af	75 bf	3,15ae	2,73 ac	1,00 bh	88 a
P049	40	23,2 ad	78 bf	3,25ab	2,76 ac	1,15 bh	88 a
P055	41	23,0 ae	79 af	3,16ad	2,81 ac	1,15 bh	84 a
P066	42	20,8 cf	71 df	3,06 ag	2,81 ac	0,84 fh	78 a
P069	43	23,0 ae	78 bf	3,07 ag	2,84 ab	1,11 bh	72 a
P071	44	23,4 ac	86 ac	3,22 ac	2,91ab	1,40 ac	78 a
SC177	45	21,6 af	69 ef	2,57 gl	2,88 ab	0,82 gh	74 a
SC179	46	20,8 cf	74bf	2,64 fl	2,73 ac	0,92 dh	78 a
SC181	47	21,5 af	81 af	2,87 ai	2,28 c	1,13 bh	84 a
SC185	48	22,1 af	87 ab	2,83 bl	2,58 ac	1,34 ae	89 a
SC199	49	21,4 af	78 bf	2,73 cl	2,48 ac	1,03 bh	87 a
SC206	50	21,8 af	79 af	2,58 gl	2,79 ac	1,11 bh	89 a
SC221	51	21,8 af	74 bf	2,80 bl	2,54 ac	0,97 ch	85 a
SC223	52	21,0 bf	70 df	2,70 dl	2,83 ac	0,85 fh	68 a
CV _e (%) ⁽⁴⁾		6,6	9,9	9,2	10,5	22,9	22,3

⁽¹⁾ Testemunhas = BR407, CO78, CO79, CO80, CO81; procedências testadas: EP = El Porvenir, GJ = Gualjoco, LL = Los Limones, PO = Poptun, SC = Santa Cruz de Yojoa;

⁽²⁾ CAP = circunferência à altura do peito; ⁽³⁾ adimensionais; ⁽⁴⁾ CV_e (%) = coeficiente de variação experimental.

A Tabela 5 mostra as estimativas das variâncias genotípica, fenotípica e ambiental entre médias de progênies, herdabilidade média de progênies e dos coeficientes de variação genética e ambiental, para os seis caracteres estudados de *P. caribaea hondurensis*, aos 20 anos. Nota-se que as herdabilidades, com exceção da sobrevivência, foram altas. [Moura e Dvorak \(2001\)](#), em estudo sobre a variação de procedências e progênies de *P. caribaea hondurensis*, de 12 anos de idade, em Planaltina, DF, encontraram herdabilidades de 81 % para altura, 84 % para DAP e 86 % para volume; portanto, para esses caracteres, não houve uma variação pronunciada num intervalo de 8 anos.

Tabela 5. Estimativas da variância genotípica (σ_g^2), fenotípica (σ_f^2) e ambiental (σ_e^2) entre médias de progênies, 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. caribaea* var. *hondurensis*, aos 20 anos, em Planaltina, DF.

Parâmetros	Caráter					
	Altura	CAP	Forma do caule	Espessura do galho	Volume	Sobrevivência
σ_g^2	0,61	26,7	0,0496	0,0207	0,0305	0,0026
σ_f^2	0,84	33,3	0,0574	0,0298	0,0374	0,0063
σ_e^2	0,23	6,6	0,0078	0,0092	0,0070	0,0036
h^2 (%)	72,4	80,1	86,3	69,2	81,4	42,2
CV_g (%)	3,5	6,61	7,67	5,26	16,00	6,34
CV_g/CV_e	0,54	0,67	0,84	0,50	0,70	0,28

CAP = circunferência à altura do peito.

A [Tabela 6](#) apresenta as estimativas das correlações genotípicas e fenotípicas entre pares de caracteres. As correlações genotípicas foram ligeiramente superiores às fenotípicas. De maneira geral, o caráter volume apresentou as maiores correlações genotípicas com os demais caracteres.

A [Tabela 7](#) mostra as estimativas de progressos genéticos para as características observadas. Nota-se que a utilização do índice soma de ranks⁽²⁾ multiplicativo e distância genótipo-ideótipo⁽²⁾ mostrou um ganho de seleção maior e mais equilibrado.

A [Tabela 8](#) apresenta as progênes selecionadas de *P. caribaea* var. *hondurensis*, em ordem decrescente, de acordo com o método empregado. Verifica-se na [Tabela 7](#) que, quando comparamos o índice soma de ranks⁽²⁾ com a seleção direta sobre a altura para as cinco primeiras progênes, existem somente duas em comum.

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

Caráter	Caráter					
	Altura	CAP	Forma do caule	Espessura do galho	Volume	Sobrevivência
Altura 0,73	1	0,75	0,55	0,27	0,84	
CAP	0,68	1	0,12	-0,22	0,99	0,72
Forma caule	0,46	0,16	1	0,52	0,23	0,46
Espessura do galho	0,19	-0,21	0,41	1	-0,11	-0,03
Volume	0,79	0,98	0,25	-0,12	1	0,71
Sobrevivência	0,42	0,40	0,26	-0,03	0,40	1

CAP = circunferência à altura do peito.

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

Caráter	Índice clássico ⁽¹⁾	Índice clássico ⁽²⁾	Índice restrito ⁽¹⁾	Índice restrito ⁽²⁾	Soma de ranks ⁽¹⁾	Soma de ranks ⁽²⁾	Índice Multiplícativo	Índice genótipo ideótipo ⁽¹⁾	Índice genótipo ideótipo ⁽²⁾	Seleção direta Altura	Seleção direta CAP	Volume	Pesos** Aleatório ⁽¹⁾	CVG ⁽²⁾
	Ganhos de seleção (%)													
Altura	2,02	2,02	2,14	2,28	2,36	2,51	2,57	2,37	2,26	2,85	1,66	2,08	3	3,7
CAP	5,83	5,83	5,59	5,21	5,63	5,09	4,79	5,46	4,15	3,24	5,94	5,88	10	6,93
Forma caule	1,16	1,16	0,8	1,61	2,57	3,90	4,8	3,21	4,48	3,8	-0,02	1,49	3	7,59
Espes. galho	-0,68	-0,68	0,15	0,49	-0,07	0,51	0,67	-0,38	0,34	1,35	-0,98	-1,02	1	5,47
Volume	13,97	13,97	13,66	13,06	13,86	12,97	12,39	13,57	10,48	9,72	13,71	14,1	10	16,78
Sobrevivência	2,17	2,17	2,31	3,09	1,59	2,47	2,34	2,15	2,34	1,69	1,64	1,88	1	5,98
“(somatória)”	24,47	24,47	24,65	25,74	25,94	27,45	27,56	26,38	24,05	22,65	21,95	24,41		

** 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. Progênes selecionadas de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*, em ordem decrescente, de acordo com o método empregado, em que: 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.
28	28	28	28	30	30	30	30	30	28	28	28
30	30	30	30	28	44	44	44	28	30	30	30
15	15	44	15	44	36	1	1	44	44	15	44
48	1	15	44	1	1	15	36	1	40	48	1
1	48	1	1	15	26	36	31	36	43	1	15
44	44	48	48	36	31	22	26	31	41	44	48
6	36	36	36	22	28	48	22	26	26	36	36
36	6	31	31	31	15	31	15	15	31	8	22
8	8	17	17	26	22	26	48	22	22	6	6
22	31	26	26	48	48	6	29	48	1	22	31
31	22	22	22	6	40	8	40	40	36	3	26
17	17	6	6	29	17	17	17	17	32	31	8
19	26	8	8	8	6	29	6	29	14	17	17
26	19	19	19	17	29	40	41	6	6	26	3
50	50	29	29	40	41	41	8	41	25	29	29
20	29	50	40	41	8	4	32	8	15	19	19
3	40	40	50	43	32	43	33	32	35	47	40
29	20	41	41	19	43	32	43	37	20	4	41
47	41	24	20	3	19	47	37	33	29	20	4
40	47	20	24	4	37	19	4	43	37	50	20
41	3	3	37	32	33	28	39	39	24	18	47

⁽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

- O índice soma de ranks e da distância genótipo-ideótipo - ambos utilizando o coeficiente de variação genético de cada caráter, como peso - e o índice multiplicativo mostraram um ganho de seleção superior e mais equilibrado do que outros métodos de seleção.
- A seleção direta sobre volume das árvores foi mais eficiente do que sobre altura e circunferência à altura do peito, equivalendo à maioria dos métodos de seleção simultânea de caracteres, com exceção dos citados no parágrafo anterior.
- As progênes de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* apresentaram altas herdabilidades médias para altura, circunferência à altura do peito, forma do caule, espessura do galho e volume, predizendo uma boa transmissão dessas características para a média da descendência.

Referências

- BALOCCHI, C. E. **CAMCORE tree improvement program**. Raleigh: North Carolina State University, 1990. 36 p. (CAMCORE. Bulletin on Tropical Forestry, 7).
- CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.
- _____. **Programa GENES: biometria**. Viçosa: UFV, 2006a. 382 p.
- _____. **Programa GENES: estatística experimental e matrizes**. Viçosa: UFV, 2006b. 283 p.
- ETTORI, L. C.; SATO, A. S.; SHIMIZU, J. Y. Variação genética em procedências e progênes mexicanas de *Pinus maximinoi*. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 16, n. 1, p. 1-9, jun. 2004.
- 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 indices. **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 out. 2006.