

Perspectivas de Melhoramento de *Pinus* sp. no Cerrado Brasileiro e Esquema Conduzido em Cooperativa dos EUA



ISSN 1517-5111
ISSN online 2176-5081
Fevereiro, 2011

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

Documentos 304

Perspectivas de Melhoramento de *Pinus* sp. no Cerrado Brasileiro e Esquema Conduzido em Cooperativa dos EUA

Sebastião Pires de Moraes Neto

Embrapa Cerrados
Planaltina, DF
2011

Exemplar desta publicação disponível gratuitamente no link:
http://bbeletronica.cpac.embrapa.br/versaomodelo/html/2011/doc/doc_304.shtml

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 da Unidade

Presidente: *Cláudio Takao Karia*
Secretária-Executiva: *Marina de Fátima Vilela*
Secretária: *Maria Edilva Nogueira*

Supervisão editorial: *Jussara Flores de Oliveira Arbués*
Equipe de revisão: *Francisca Elijani do Nascimento*

Jussara Flores de Oliveira Arbués

Normalização bibliográfica: *Marilaine Schaum Pelufé*

Editoração eletrônica: *Fabiano Bastos*

Capa: *Fabiano Bastos*

Impressão e acabamento: *Divino Batista de Sousa*
Alexandre Moreira Veloso

1ª edição

1ª impressão (2011): tiragem 100 exemplares

Edição online (2011)

Todos os direitos reservados

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

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) **Embrapa Cerrados**

M827p Moraes Neto, Sebastião Pires de.
Perspectivas de melhoramento de *Pinus* sp. no cerrado brasileiro e esquema conduzido em cooperativa dos EUA / Sebastião Pires de Moraes Neto. – Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2011.
51 p. – (Documentos / Embrapa Cerrados, ISSN 1517-5111, ISSN online 2176-5081 ; 304).

1. *Pinus*. 2. Taxonomia. 3. Semente. 4. Melhoramento genético vegetal. I. Título. II. Série.

634.9751 - CDD 21

© Embrapa 2011

Autores

Sebastião Pires de Moraes Neto

Engenheiro-florestal, Doutor em Ciências

Biológicas - Biologia Vegetal

pesquisador da Embrapa Cerrados

sebastiao.moraes@embrapa.br

Apresentação

Na atualidade, a madeira e produtos extraídos da resina do gênero *Pinus* são muito utilizados no Brasil, nas Américas e em outros continentes, especialmente Europa e Oceania. No Brasil, é plantado principalmente na região Sul e, na região do Cerrado do Centro-Oeste, sua cultura é praticamente inexistente. Na década de 1970, na parte central do Brasil, foram estabelecidos ensaios com espécies, procedências e progênies utilizando sementes coletadas por agências internacionais, tais como a Central America and Mexico Coniferous Resources Cooperative (CAMCORE), da Universidade Estadual da Carolina do Norte – EUA – e o Oxford Forestry Institute (OFI), da Universidade de Oxford – Reino Unido – e, na Embrapa Cerrados, foram realizados alguns ensaios no início da década de 1980. Visando resgatar a cultura desse gênero no Cerrado e, especialmente contribuir em apresentar esquemas de melhoramento que podem, de maneira geral, serem aplicados em todo território nacional, esta revisão foi desenvolvida.

José Roberto Rodrigues Peres
Chefe-Geral da Embrapa Cerrados

Sumário

Introdução e alguns aspectos do melhoramento de <i>Pinus</i> tropicais no Cerrado	9
Exemplo de esquema de melhoramento em Cooperativa dos EUA.....	18
Arranjos e trabalhos realizados recentemente pela Cooperativa	33
Considerações Finais	41
Referências	41
Apêndice.....	48
Abstract.....	50

Perspectivas de Melhoramento de *Pinus* sp. no Cerrado Brasileiro e Esquema Conduzido em Cooperativa dos EUA

Sebastião Pires de Moraes Neto

Introdução e Alguns Aspectos do Melhoramento de *Pinus* Tropicais no Cerrado

A expansão das florestas plantadas no Brasil, iniciada em 1967, favoreceu dois importantes segmentos do mercado de madeira: celulose e papel e madeira processada mecanicamente. Entretanto, mudanças na estrutura dos mercados e no perfil de comercialização das madeiras de reflorestamento, ocasionadas pelas flutuações na oferta e demanda de matéria-prima e produto, têm ocorrido ao longo dos anos, com reflexos tanto no mercado nacional quanto internacional. Essas mudanças têm feito com que os mercados se desdobrem em diferentes subsetores e nichos mais especializados de usos para as madeiras de florestas plantadas, especialmente o pinus.

Da produção brasileira de madeira serrada, estima-se que 15% sejam destinados à indústria de móveis, sendo, desse total, cerca de um terço originário de florestas plantadas, especialmente pinus. Assim o setor moveleiro utiliza madeira sólida – especialmente para móveis destinados à exportação – de, no mínimo, 1 milhão de m³/ano de madeira de reflorestamento, principalmente pinus, com características uniformes e mínimos defeitos.

Respeitando-se as características da madeira, com relação às suas propriedades, vantagens e limitações, a madeira de pinus tem se prestado admiravelmente bem ao uso como material de construção, especialmente na forma de tábuas, pontalotes e vigotas, caibros e ripas. Essa madeira, em vigas laminadas e coladas, tem sido empregada também na construção de edifícios multiuso, com estruturas do tipo pórtico leve, destinados a centros de reunião, escolas, escritórios, salas de aulas e outras finalidades. De comercialização recente, a madeira sem defeitos e de pequenas dimensões (clear blocks & blanks) surgiu no mercado no início das exportações de pinus serrado, por volta de 1994/1995. A comercialização dos clear blocks se dá principalmente no mercado de exportação. Destinam-se a molduras, esquadrias, revestimentos, partes e peças aparentes de móveis, ou são vendidos diretamente aos consumidores para uso próprio ou bricolagem (REMADE, 2002).

Segundo Ambiente Brasil (2011a), das oito espécies florestais do planeta mais visadas para o melhoramento genético, três são pinheiros: *Pinus taeda*, *Pinus caribaea* var. *hondurensis* e *Pinus radiata*.

Entre as espécies de *Pinus*, as mais cultivadas no Brasil são: (i) espécies subtropicais – *Pinus taeda*, a espécie de pinus mais cultivada no Brasil, e *Pinus elliotii*, também usada para extração de resina; e (ii) espécies tropicais – *Pinus caribaea* var. *hondurensis*, representando cerca de 70% das plantações com pinus tropicais, e *Pinus oocarpa*, representando aproximadamente 15% das plantações tropicais com pinus (ASSIS; RESENDE, 2011). Para as condições do Cerrado brasileiro, as espécies mais recomendadas são as tropicais. A seguir são descritas algumas características de alguns *Pinus* tropicais extraídas de publicação de Shimizu (2011).

Pinus caribaea é uma espécie que abrange três variedades naturais: *caribaea*, *bahamensis* e *hondurensis*. A variedade *hondurensis* está entre os *Pinus* tropicais mais plantados no mundo. Isso pode ter relação com a grande amplitude de condições ambientais nas suas origens, na América Central. Sua distribuição natural abrange altitudes desde o nível do mar até 1.000 m, o que propicia a geração de variabilidade genética

ligada à adaptação a variadas condições ecológicas. Entre as variações geográficas mais importantes, estão as procedências litorâneas e as das montanhas, no interior do continente. As litorâneas localizam-se em áreas castigadas, anualmente, por furacões e tempestades tropicais. Logo, o material genético selecionado, naturalmente, ao longo de milênios, nesse ambiente, haveria que apresentar maior resistência aos ventos e menor propensão à quebra de fuste do que as procedências do interior do continente. Essas diferenças ficaram evidentes nos experimentos de campo no Sudeste do Brasil, onde, após a ocorrência de ventanias, somente as árvores das procedências litorâneas permaneceram ilesas. No Brasil, essa variedade é plantada exclusivamente na região tropical, visto que não tolera geadas.

A variedade *bahamensis*, como o nome indica, é proveniente das Ilhas Bahamas. Mesmo sendo originária de locais próximos ao nível do mar, ela tem apresentado bom crescimento no Brasil, tanto ao nível do mar quanto no planalto. Um dos obstáculos para a sua ampla difusão nos plantios comerciais é a dificuldade na produção de sementes. Sua madeira tende a ser mais densa e, portanto, de melhor qualidade física e mecânica do que da variedade *hondurensis*. Tanto esta quanto a variedade *hondurensis* são altamente propensas a produzir um padrão de crescimento apical acentuado, sem ramificação, denominado “foxtail” ou rabo-de raposa, especialmente em regiões de alta precipitação. A variedade *caribaea* é proveniente de Cuba e seu crescimento é mais lento que as demais variedades. A forma do seu fuste é exemplar, geralmente muito reta, com ramos numerosos e finos. Essa variedade também apresenta dificuldade na produção de sementes no Brasil.

Pinus oocarpa está entre as espécies de *Pinus* tropicais mais difundidas pelos trópicos. Ela é originária do México e América Central, com distribuição natural mais extensa no sentido noroeste-sudeste entre os pinus da região. O seu habitat natural varia desde clima temperado-seco, com precipitação entre 500 mm e 1.000 mm, até subtropical úmido, com precipitação em torno de 3.000 mm anuais. O melhor desempenho dessa espécie é obtido no planalto, especialmente no Cerrado, dada a sua tolerância à seca. A sua madeira é moderadamente dura e resistente e possui alta qualidade

para produção de peças serradas para construções e confecção de chapas. Além de madeira, *P. oocarpa*, também, produz resina em quantidade viável para extração comercial. Essa espécie produz muitas sementes, o que facilita a expansão dos seus plantios. Em locais de baixa altitude ou na planície costeira, ela apresenta crescimento lento, com má forma de fuste, além de se tornar suscetível a várias doenças.

Pinus tecunumanii é uma espécie que ocorre desde o Sul do México até a Nicarágua, podendo atingir mais de 50 m de altura e diâmetro de até 1,20 m. Nas altitudes entre 1.500 m até 2.800 m, são encontrados povoamentos naturais com aparências semelhantes a *P. patula*. Em altitudes abaixo de 1.500 m, essa espécie apresenta certa semelhança com *P. oocarpa* e *P. caribaea*. Várias procedências dessa região, como Camélias, Yucul e San Rafael, na Nicarágua, e Mountain Pine Ridge, em Belize, foram confundidas com variações geográficas de *P. oocarpa*. Suas características, tanto morfológicas quanto de crescimento, que é mais rápido que *P. oocarpa*, deixaram claro que se tratava de espécie distinta. As procedências de altitudes maiores que 1.500 m têm apresentado alta suscetibilidade à quebra de fuste pelo vento. Sua madeira é de excelente qualidade, com densidade maior que 0,40 g/cm³ e teor de resina menor do que *P. oocarpa*, sendo que a madeira adulta começa a ser formada, aproximadamente, a partir de 10 anos de idade. Além disso, a variação interna em densidade da madeira, tanto no sentido medula-casca quanto no sentido longitudinal do tronco, é substancialmente menor que em outras espécies, como *P. patula* e *P. taeda*. A maior homogeneidade nessa característica física confere à madeira melhor qualidade e valor para processamento industrial.

No Brasil, essa espécie é de grande valor para plantios comerciais, dada a facilidade da sua adaptação na região tropical em diversos países e a baixa incidência de árvores com "foxtail". O ambiente ideal para o seu desenvolvimento é caracterizado por solos ácidos e argilo-arenosos com pelo menos 40 cm de profundidade, boa drenagem e precipitação de pelo menos 1.000 mm anuais. Estudos realizados com diversas procedências originais, no Cerrado da Região Central do Brasil, demonstraram o maior crescimento nos materiais genéticos oriundos da parte mais meridional da sua área de distribuição natural,

de altitudes em torno de 1.000 m. Entre seus pontos fracos, podem ser destacadas a baixa resistência a geadas, a alta suscetibilidade à quebra de fuste pelo vento e a baixa produção de sementes. Porém, essa última característica pode ser solucionada, gradativamente, mediante seleção em favor de matrizes mais prolíficas e pesquisas de campo para localizar ambientes mais favoráveis à sua reprodução. A tendência à quebra de fuste também é um caráter de herdabilidade moderada a alta, o que significa certa facilidade para a correção desse defeito através da seleção de matrizes. Um aspecto importante sobre essa espécie é que ela pode ser enxertada sobre porta-enxertos de outras espécies como *P. caribaea*, *P. patula*, *P. elliottii* e *P. oocarpa*. Isso permite a formação de pomares clonais com materiais genéticos selecionados, mesmo que não haja sementes disponíveis da mesma espécie para a formação de porta-enxertos. Essa espécie pode ser cruzada, artificialmente, com várias espécies como *P. patula*, *P. greggii*, *P. elliottii*, *P. taeda*, *P. oocarpa* e *P. caribaea*. O híbrido gerado com essa última tem apresentado crescimento e densidade da madeira maiores do que em ambas as espécies parentais. Isso é muito importante na implementação de programas de silvicultura intensiva baseada em propagação vegetativa massal de híbridos.

Os relatos na literatura de processos de melhoramento de *Pinus* tropicais no Cerrado foram baseados especialmente em testes de procedências e progênies, nos quais se encontram parâmetros genéticos de características físicas relacionadas às árvores (herdabilidade, coeficiente de variação genético, correlação genética, entre outras) e índices de seleção e uso de marcadores moleculares para orientar a seleção principalmente para *Pinus caribaea* var. *hondurensis*, *Pinus oocarpa* e *Pinus tecunumanii* (MOURA; DVORAK, 2001; MOURA; VALE, 2002; SAMPAIO et al., 2000, 2002; MISSIO et al., 2004; SILVA, 2005; FURLAN et al., 2007; MORAES NETO et al., 2007a,b; MORAES NETO; DUBOC, 2008).

Na Tabela 1, mostram-se dados de herdabilidade de algumas características de árvores de *Pinus* tropicais implantadas em região de Cerrado do Planalto Central Brasileiro. Observa-se que as herdabilidades entre médias de famílias são sempre maiores que as outras duas

herdabilidades, podendo ser consideradas altas para altura, DAP e volume. Portanto, o diferencial de seleção é sempre superior na seleção massal do que na seleção de família. O ganho total é maior quando proveniente da família do que da seleção massal, contudo não ocorre por uma grande margem, como indicado pelas diferenças em herdabilidades (WRIGHT, 1976). Tendo como base a Tabela 2 e observando os dados da densidade básica da madeira da Tabela 1, nota-se que, para *Pinus caribaea* var. *hondurensis*, com herdabilidade individual de 20%, o ganho para seleção de família de meios irmãos e massal combinadas seria entre 20% a 30% maior do que seleção massal somente. Em *Pinus oocarpa*, para densidade básica da madeira, as herdabilidades individual e dentro de famílias foram praticamente nulas; contudo, quando se consideram somente as famílias dentro da procedência de San Luiz (Guatemala), a herdabilidade individual foi de 0,37, a dentro de famílias foi de 0,34 e a entre médias de famílias foi de 0,51 (Tabela 1).

Tabela 1. Coeficientes de herdabilidade a nível individual (h_i^2), dentro de família (h_d^2) e entre médias de famílias (h_f^2) de características de três espécies de *Pinus* tropicais no Cerrado do Distrito Federal, considerando-se teste de procedências e progênies (meios irmãos).

Características	<i>P. caribaea</i> var. <i>honurensis</i>			<i>P. tecunumanii</i>			<i>P. oocarpa</i>		
	h_i^2	h_d^2	h_f^2	h_i^2	h_d^2	h_f^2	h_i^2	h_d^2	h_f^2
Altura	0,31 ¹	0,23	0,81	0,39 ²	0,31	0,82	0,29 ³	0,21	0,70
Diâmetro a altura do peito (DAP)	0,29 ¹	0,22	0,84	0,38 ²	0,30	0,85	0,37 ³	0,29	0,86
Volume	0,34 ¹	0,26	0,86	0,43 ²	0,33	0,86	0,29 ³	0,21	0,81
Forma do tronco	0,06 ¹	0,05	0,47	0,14 ²	0,10	0,60	0,12 ³	0,09	0,61
Diâmetro do galho	0,26 ¹	0,19	0,77	0,28 ²	0,21	0,79	0,14 ³	0,09	0,67
Densidade básica da madeira	0,20 ⁴	0,20	0,31	0,30 ⁵	0,22	0,58	-0,03 ⁶	-0,03	0,08

(¹) Moura e Dvorak (2001) – povoamento com 12 anos de idade; (²) Moura e Dvorak (1998) – povoamento com 12 anos de idade; Moura et al. (1998) – povoamento com 13 anos de idade; (⁴) Moraes Neto e Duboc (2008) – povoamento com 21 anos de idade; (⁵) Moura e Vale (2002) – povoamento com 15 anos de idade; (⁶) Moraes Neto e Melo (2008) – povoamento com 23 anos de idade.

Tabela 2. Ganhos provenientes de vários tipos de seleção de família, relativo ao de seleção massal, para dois tamanhos de famílias e herdabilidades diferentes.

Herdabilidade de árvore individual	Ganhos (%), relativo ao de seleção massal, oriundos de					
	Seleção de família de meios irmãos com tamanho de família de		Seleção de meios irmãos e massal combinadas com tamanho de família de		Seleção de família de irmãos-completos com tamanho de família de	
	50 árvores	100 árvores	50 árvores	100 árvores	50 árvores	100 árvores
0,01	177	230	191	242	324	413
0,02	168	210	183	222	296	358
0,05	148	172	164	187	243	302
0,10	125	134	148	157	193	206
0,20	101	102	124	131	149	153
0,30	87	89	116	118	125	126

Fonte: extraído de Wright (1976).

Na Tabela 3, mostram-se as estimativas das correlações genotípicas de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* e *Pinus tecunumanii*. Observa-se que, para as duas espécies, a característica volume teve uma forte correlação positiva com a circunferência à altura do peito (CAP), e a CAP teve correlação negativa com o diâmetro do galho, ou seja, se a CAP aumenta, o diâmetro do galho também aumenta. Essa aparente discrepância ocorreu por ter se considerado, na análise estatística, o galho grosso com valor 1 e o galho fino com valor 3.

Tabela 3. Estimativas das correlações genotípicas de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* (acima da diagonal) e *Pinus tecunumanii* (abaixo da diagonal), ambos com 20 anos de idade, entre pares de caracteres em Planaltina, DF.

Caráter	Caráter					
	Altura	CAP	Forma do caule	Diâmetro do galho	Volume	Sobrevivência
Altura	1	0,75 ⁽¹⁾	0,55	0,27	0,84	0,73
CAP	0,61 ⁽²⁾	1	0,12	-0,22	0,99	0,72
Forma caule	0,22	0,16	1	0,52	0,23	0,46
Diâmetro do galho	-0,0035	-0,31	0,15	1	-0,11	-0,03
Volume	0,74	0,98	0,20	-0,25	1	0,71
Sobrevivência	0,71	0,27	0,11	0,25	0,37	1

CAP = circunferência à altura do peito.

Fonte: ⁽¹⁾ Moraes Neto e Melo (2006a); Moraes Neto e Melo (2006b).

A propagação dos resultados obtidos com o melhoramento genético florestal pode ocorrer através de sementes, ou através de propagação vegetativa a partir do material selecionado. As sementes melhoradas podem ser obtidas das seguintes formas:

- Área de Coleta de Sementes (ACS).
- Área de Produção de Sementes (APS).
- Pomar de Sementes Clonal Testado (PSCT).
- Pomar de Sementes por Muda (PSM).

A descrição dos itens citados anteriormente, mostrados na sequência, foram extraídos de Ambiente Brasil (2011b):

Área de Coleta de Sementes (ACS)

Povoamento comercial onde se coletam sementes dos melhores indivíduos para utilização massal. Caracterizado por ser a mais simples forma de produção de sementes melhoradas; implica em baixa intensidade de seleção (cerca de 1:10) e seleção fenotípica no lado feminino.

Área de Produção de Sementes (APS)

Povoamento onde houve seleção e desbaste, removendo-se as árvores com características de qualidade inferior, deixando-se apenas os melhores indivíduos para o cruzamento. É a forma mais utilizada. A intensidade de seleção também é baixa (1:10), e a seleção fenotípica ocorre dos dois lados (feminino e masculino).

Pomar de Sementes Clonal Testado (PSCT)

É uma plantação de árvores com genótipo selecionado por um teste clonal, estabelecida através da propagação vegetativa. Recebe um manejo diferenciado para o florescimento e produção abundante de sementes, por meio de tratamentos culturais específicos. Apresenta melhor resultado devido à maior intensidade de seleção (cerca de 1:5000) e porque trabalha com a seleção genética, no lugar da fenotípica, e nos dois lados (feminino e masculino).

Pomar de Sementes por Muda (PSM)

É uma plantação de árvores selecionadas geneticamente através de um teste de progênies, estabelecida através de mudas oriundas de sementes. Recebe um manejo diferenciado para o florescimento e produção abundante de sementes, através de tratos culturais específicos. Assim como o PSCT, resulta em sementes de melhor qualidade que as ACSs e APSs, porque a seleção também é genética em vez de fenotípica. Esse tipo de pomar requer a existência de teste de progênie.

Desenvolvimento de Pomares de Sementes

No esquema a seguir (Figura 1), é mostrado como é desenvolvido um pomar de semente nas opções Pomar de Sementes Clonadas (sem e com teste de progênies) e Pomar de Sementes por Mudas.

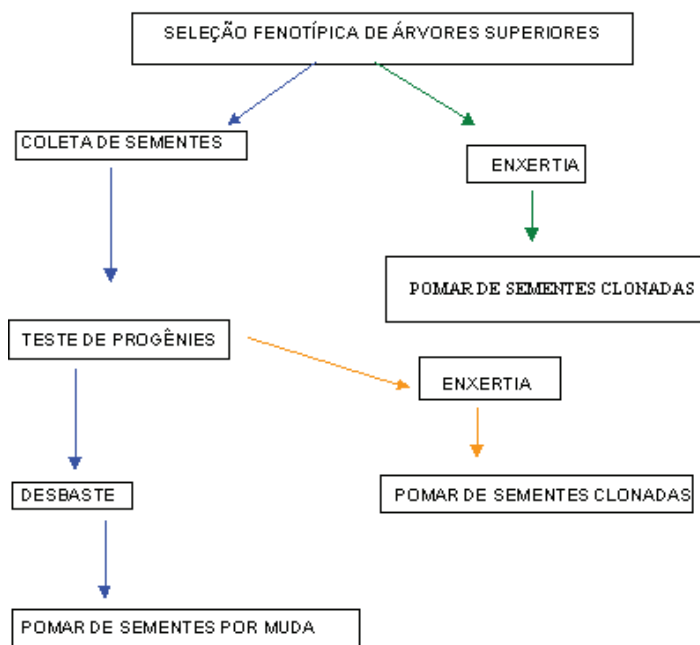


Figura 1. Esquema de desenvolvimento de pomar de sementes.

Fonte: Ambiente Brasil (2011b).

Exemplo de Esquema de Melhoramento em Cooperativa dos EUA

Na sequência é apresentado um exemplo de esquema de melhoramento realizado com *Pinus taeda* em Cooperativa da Universidade Estadual da Carolina do Norte (UECN) dos Estados Unidos da América.

Utilizou-se essa espécie de *Pinus* em razão de as informações estarem disponíveis na literatura e internet, as quais servem também para o melhoramento de *Pinus* tropicais; e em razão da importância dessa espécie, que, no Brasil, é a mais plantada entre os *Pinus*, abrangendo aproximadamente um milhão de hectares, no planalto da Região Sul do Brasil, para produção de celulose, papel, madeira serrada, chapas e madeira reconstituída (SHIMIZU, 2005). A área plantada de *Pinus* em 2009, em todo o Brasil, foi de 1.794.720 hectares, e os estados com maiores áreas plantadas foram o Paraná e Santa Catarina (ABRAF, 2010). Nos EUA, ela é cultivada especialmente na Região Sudeste, abrangendo os estados da Lousiana, Geórgia, Carolina do Norte, Carolina do Sul, Mississippi, Tennessee, Flórida, Virgínia e Alabama.

O primeiro ciclo do programa de melhoramento de *Pinus taeda* realizado pela Cooperativa da UECN iniciou-se no final dos anos 1950 e continuou até o começo dos anos 1970. A produção de sementes melhoradas geneticamente para reflorestamento teve início em 1969, providenciando sementes de forma suficiente para plantios anuais desde o início dos anos 1980. O segundo ciclo do programa de melhoramento iniciou com seleções em testes de progênies de primeira geração e seleções adicionais de plantações não melhoradas no final dos anos 1970. Nos pomares de sementes de segunda geração, iniciou-se a produção de sementes no final dos anos 1980 e, em 1997, produziam-se mais do que 50% da colheita de semente anual no programa de melhoramento, alcançando, nesse mesmo ano, um total de 9,6 milhões de hectares plantados de *Pinus taeda* pelos membros da Cooperativa da UECN (LI et al., 1999).

O programa de melhoramento florestal iniciou seu trabalho com a seleção fenotípica de 3.000 árvores de *P. taeda* em áreas nativas

(FERREIRA, 2005). Segundo Zobel e Sprague (1993), as procedências utilizadas para essa seleção foram indicadas previamente como de alta performance. As procedências do Planalto de Piedmont, Planície Costeira Atlântica e Planície Costeira do Golfo foram as mais focadas para a formação da população base. Algumas seleções foram realizadas em ambientes específicos, como áreas relativamente mais secas e de baixa drenagem. Essas seleções constituíram as populações de melhoramento de primeira geração e formaram a base dos primeiros pomares clonais estabelecidos pela entidade. As empresas participantes dessa cooperativa selecionaram uma fração elite entre os melhores materiais genéticos para constituir os seus primeiros pomares. Após testes de progênies, geralmente 15 a 20 progenitores dos 30 a 40 clones presentes em cada pomar eram eliminados no desbaste baseado nos valores genéticos.

No primeiro ciclo de melhoramento, os cruzamentos realizados na população de melhoramento da cooperativa utilizavam o esquema de cruzamento testador. Este era um fatorial incompleto em que quatro a cinco genótipos eram cruzados com todos os demais parentais. Esses cruzamentos geraram famílias de irmãos-completos para testes de progênies (WEIR; ZOBEL, 1975; TALBERT, 1982; LI et al., 1996). A avaliação da performance dessas famílias, em comparação às testemunhas produzidas a partir de material não melhorado, foi realizada em testes em blocos casualizados com parcelas lineares de 10 plantas. Segundo Li et al. (1999), cerca de 2.000 árvores selecionadas de segunda geração, obtidas dos testes de progênies de primeira geração, foram utilizadas para estabelecer pomares clonais. Além das seleções em testes de progênies de primeira geração, o segundo ciclo de melhoramento contou com a introdução de seleções realizadas em plantios comerciais no final da década de 1970. Weir e Zobel (1975) apresentaram esquema de melhoramento genético até a quarta geração (Figura 2).

De acordo com a Figura 2, os indivíduos com capacidade geral de combinação (CGC) boa são os progenitores da primeira geração que produziram progênies destacadas, determinado pelos testes de progênies. Em um dado pomar de 25 a 35 clones, de 3 a 5 indivíduos de CGC bons têm sido identificados. Os pomares de

primeira geração melhorados (1,5 geração) são desenvolvidos pelo estabelecimento de indivíduos de CGC bons de cada dos 5 a 10 programas dentro de uma região extensa, que irão contribuir com recursos vegetais para um determinado grupo regional. Geralmente os clones dos pomares de 1,5 geração são selecionados na base de superioridade de características múltiplas. Moraes Neto et al. (2007a,b) descreveram métodos de seleção simultânea de caracteres em *Pinus caribaea* var. *hondurensis* e *Pinus tecunumanii*. Oportunamente, pomares especializados têm sido desenvolvidos com ênfase maior em uma única característica assim como resistência a doença.

Aos 8 anos de idade, torna-se visível que as progênies de pomares de 1,5 geração produzirão maior volume do que plantações não melhoradas. Esse melhoramento será 15% maior do que o ganho comumente observado de pomares de primeira geração não desbastados, primariamente como um resultado de intensidade de seleção aumentado e seleção sobre a performance da família. Espera-se que um cruzamento adicional e seleção subsequente entre as progênies desses clones destacados resulte em pomares de segunda geração com ganhos da ordem de 50% em volume em relação a materiais não melhorados. Para alcançar esse objetivo, o seguinte cronograma de desenvolvimento de programa foi planejado:

- Cruzamentos com testadores para identificar CGC através das progênies (1975-1983).
- Estabelecimento de pomar de segunda geração melhorado (1985-1990).

Os indivíduos com CGC bons foram cruzados em esquema de dialelo parcial, em que cada clone foi cruzado com pelo menos oito indivíduos diferentes. Por causa do número variado de clones reunidos de programas diferentes dentro de cada região, foi impossível manter um balanço no dialelo parcial. O objetivo foi gerar rapidamente uma população de genótipos conhecidos bons para fins de seleção. O cruzamento foi usualmente entre clones de pomares diferentes, e o pólen foi providenciado pelo banco de pólen do Estado da Carolina do Norte. O número de cruzamentos requeridos de cada membro foi de 8 a 12 para cada pomar.

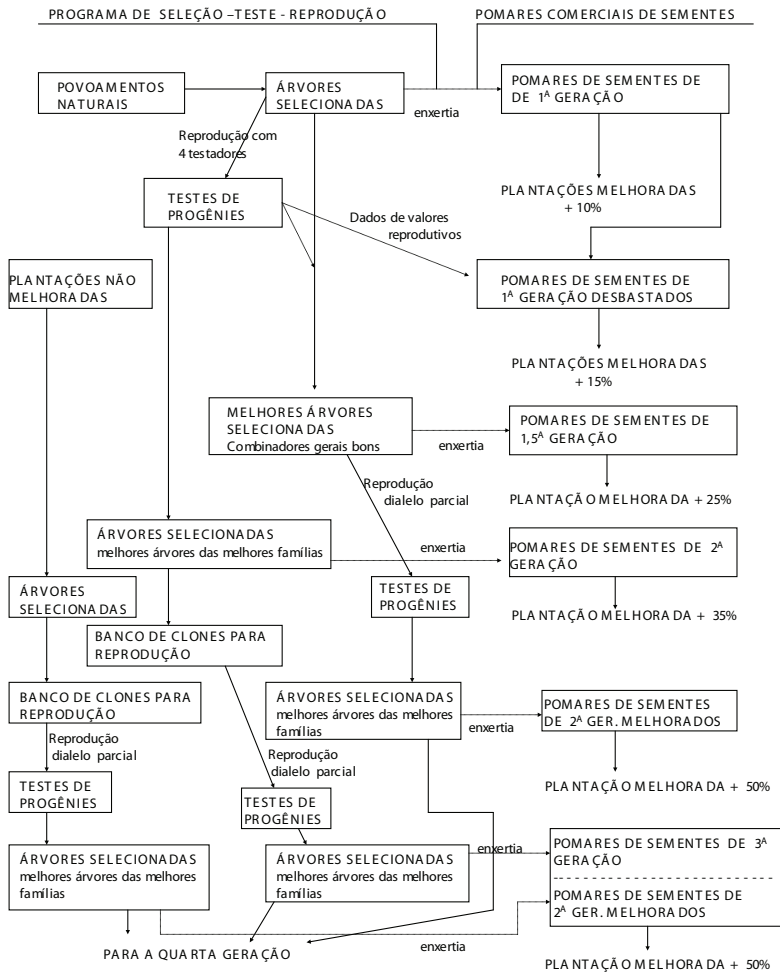


Figura 2. Fluxograma mostrando algumas atividades no curto e longo prazo da Cooperativa, as quais consistem de duas atividades básicas: (1) utilização imediata das melhores plantas; e (2) desenvolvimento de uma base genética sólida e ampla por intermédio de um programa de melhoramento e seleção no longo prazo.

Fonte: Weir e Zobel (1975).

Por causa do rápido aumento do parentesco entre famílias (coancestralidade), observou-se que o programa de manejo genético

utilizando combinador geral bom resultou em um melhoramento de linhagem (breeding line) até a finalização nos pomares de segunda geração. Somente poucas linhas resistentes foram aproveitadas como parte da continuação do programa de seleção recorrente. O pomar de produção de segunda geração é composto pelos melhores da população selecionada da segunda geração. O ganho genético máximo é o objetivo, conseqüentemente as árvores estabelecidas no pomar são selecionadas tão intensivamente quanto possível. Uma restrição adicional no uso das seleções de segunda geração no pomar de produção é que muitos são aparentados (meios irmãos ou irmãos-completos), então a probabilidade de endogamia é introduzida. O uso de seleções de segunda geração sem considerar a probabilidade de acasalamentos aparentados compromete o melhoramento genético, portanto seleções aparentadas são usadas somente quando eles podem ser espacialmente separados no pomar. Uma separação espacial de 27 m é mínima de acordo com estudo de McEllwee (1970). No Apêndice 1 e 2, são mostrados alguns esquemas para controlar a endogamia quando se usam aparentados no mesmo pomar de sementes (HODGE; WHITE, 1993; LSTIBUREK; KASSABY, 2007).

Na Tabela 4, mostra-se o esquema de estabelecimento de pomares de sementes de produção através de sucessivas gerações de melhoramento de acordo com Weir e Zobel (1975).

Tabela 4. Esquema de estabelecimento de pomares de sementes de produção através de sucessivas gerações de melhoramento.

Pomares de Produção	Período de Estabelecimento
Primeira geração	1960 - 1970
Uma e meia geração (primeira melhorada)	1969 - 1978
Segunda geração	1976 - 1984
Segunda geração melhorada	1986 - 1990
Terceira geração	1990 - 1998

Fonte: Weir e Zobel (1975).

Trabalho realizado no Programa de Melhoramento Florestal da Cooperativa da UECN

O texto básico deste item foi baseado em Mckeand e Bridgwater (1998), com inserções de outros estudos de caráter elucidativo. As populações manejadas do segundo ciclo de melhoramento da Cooperativa incorporaram um total de 720 progenitores e aproximadamente 3.300 seleções fenotípicas de plantações não melhoradas (para qualquer membro da Cooperativa em uma dada região, aproximadamente 600 dessas árvores estavam disponíveis). Os esforços de seleção sobre plantações- comerciais foram iniciados em 1975 para aumentar a população relativamente pequena e menos diversa geneticamente da segunda geração. Os progenitores da segunda geração tiveram coancestralidade com níveis não aceitáveis devido ao delineamento de acasalamento testador usado na primeira geração de melhoramento genético. As duas fontes de seleções foram unidas no terceiro ciclo de melhoramento.

Foi adotado no final de 1970, no programa do segundo ciclo, um delineamento de acasalamento de meio dialelo desconectado de seis progenitores (TALBERT, 1979; Apêndice 3). As árvores de dois (raramente três) dialelos foram plantadas juntas em uma série de testes compreendida de quatro plantações (dois locais em cada ano num total de quatro locais em dois anos). Cada teste consistiu de seis blocos com seis árvores por parcela de cada cruzamento em cada bloco. Um total de 144 mudas por família de irmão completo foi plantado em cada série de testes (TALBERT et al., 1981). Foram incluídas em cada série de testes, como testemunhas, mudas originadas de sementes de pomar de sementes e de três coleções do local e áreas geográficas adjacentes para fins de comparação com os dialelos. O estabelecimento do teste de campo foi completado em 1996. Os parâmetros altura, forma e infecções originadas da ferrugem-fusiforme foram medidos para todas as árvores em cada série de testes na idade de seis anos. Um índice de seleção que usa pesos genéticos e econômicos relativos para cada árvore é usado para selecionar aqueles indivíduos que maximizam o valor de colheita (harvest value). Amostras de madeira de árvores selecionadas são tomadas para determinar sua massa

específica para combinar com outras características para determinar quais árvores serão incluídas nos pomares de sementes e usadas para programas de melhoramento futuro (JETT; TALBERT, 1982).

Os delineamentos de acasalamentos dialélicos são usados frequentemente em pesquisas de melhoramento de árvores e plantas para obter informações genéticas, assim como efeitos genéticos para um conjunto de progenitores, ou componentes de variância para capacidade geral e específica de combinação e herdabilidade de uma população (WU; MATHESON, 2000). Acasalamentos dialélicos são também empregados para providenciar oportunidade para manejar a coancestralidade em uma população de melhoramento para maximizar o diferencial de seleção para seleções posteriores (BRIDGWATER, 1992; JOHNSON; KING, 1998). Li et al. (1997, 1999) observaram que, em pomares de sementes de segunda geração de *Pinus taeda* instalados em quatro regiões do sudeste americano, após 8 anos da implantação, os ganhos de seleção em altura variaram de 13% a 21% sobre testemunhas não melhoradas. Esses ganhos poderiam ser impulsionados de 20% a 24% para altura e de 26% a 35% para volume, desbastando esses pomares onde permaneceriam os 30% melhores progenitores.

As primeiras seleções (indivíduos) da terceira geração foram feitas em 1991. A seleção continuou de acordo com esquema da Figura 3. O terceiro ciclo de melhoramento começou por volta de 1999 quando cerca de 50% das novas seleções estavam disponíveis e cruzamento com mistura de polens de cerca de 30 indivíduos médios foram realizados.

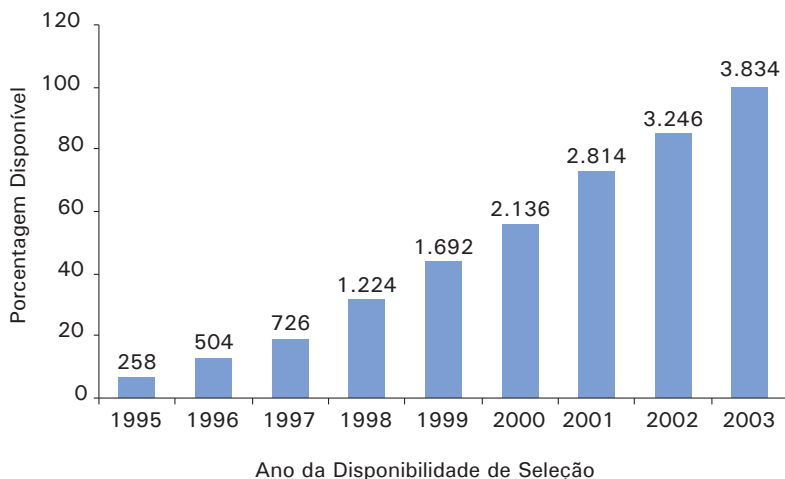


Figura 3. Disponibilidade de seleções (indivíduos) do terceiro ciclo, em cada ano para cada membro da Cooperativa (44 programas de melhoramento), originados de testes de dialelos. O número real de progenitores nos quais as seleções podem ser feitas com dados de 6 anos está em cada barra.

Fonte: McKeand e Bridgwater (1998).

McKeand e Bridgwater (1998) delinearam possíveis estratégias para o terceiro ciclo de melhoramento (ou manejo genético). O objetivo da estratégia para o terceiro ciclo de melhoramento de *Pinus taeda* foi providenciar ganho genético num pequeno período de tempo, bem como manter diversidade genética para que sejam possíveis ganhos genéticos de longa duração. A estratégia seria manejar três populações, de níveis hierárquicos diferentes, com intensidades distintas. A população principal consistiria de cerca de 160 indivíduos selecionados, que seriam disponibilizadas para cada cooperador em uma dada região geográfica (população de recrutamento). Cada população seria subdividida em 40 sublinhas de 4 árvores cada, primariamente para providenciar ganho genético num período longo e diversidade. A população hierárquica elite, de aproximadamente 40 indivíduos, seria manejada para prover ganho genético, em curto prazo, para cada membro do programa. A terceira hierarquia funcionaria como arquivos de diversidade genética manejada para preservar e reproduzir genótipos com valores genéticos extremos para características individuais (não necessariamente para

todas as características combinadas) com fins de assegurar população para fazer frente a mudanças de critérios de seleção e de meio ambiente nas gerações futuras. Em ciclos futuros de melhoramento ou manejo genético, antes do que diminuir a intensidade de seleção na população da linha principal para assegurar a manutenção de alelos raros ou combinações alélicas raras, até 150 genótipos “únicos” (em adição aos 160 da linha principal) seriam selecionados de cada população de recrutamento para inclusão em arquivos de diversidade genética.

Hierarquia de populações de melhoramento

Os benefícios de uma população elite em um programa de melhoramento associado com um programa de linha principal maior incluem:

1. Seleção mais intensiva e, portanto, maior ganho pode ser obtido para características específicas.
2. Dependendo dos produtos almejados, características diferentes podem ser enfatizadas em um índice de seleção para cada população elite.
3. Múltiplas populações elite podem ser estabelecidas dentro de uma região de melhoramento (breeding region), dependendo dos produtos almejados e da variação ambiental.
4. Quanto menor o tamanho da população elite, tanto mais rápido pode ser o melhoramento, se comparado com o programa de linha principal maior.

O uso de populações de melhoramento elite para o terceiro ciclo da Cooperativa seria altamente desejável uma vez que essa estratégia permitiria um aumento significativo na intensidade de seleção utilizando somente clones superiores em uma população de recrutamento para produzir propágulos para estabelecimento de plantaçao antes do que todos os clones em uma região. A média da população de recrutamento corrente dentro de determinada região é cerca de 600 genótipos (NORTH CAROLINA STATE UNIVERSITY, 1982). Se uma população elite de 40 indivíduos fosse usada, a intensidade de seleção seria de 1,937 em relação a 600 genótipos. Manejando somente 40 acessos, espera-se despendar um menor tempo do

que num número maior de acessos da linha principal, portanto o ganho por ano seria maior (Figura 4) (MAHALOVICH, 1990).

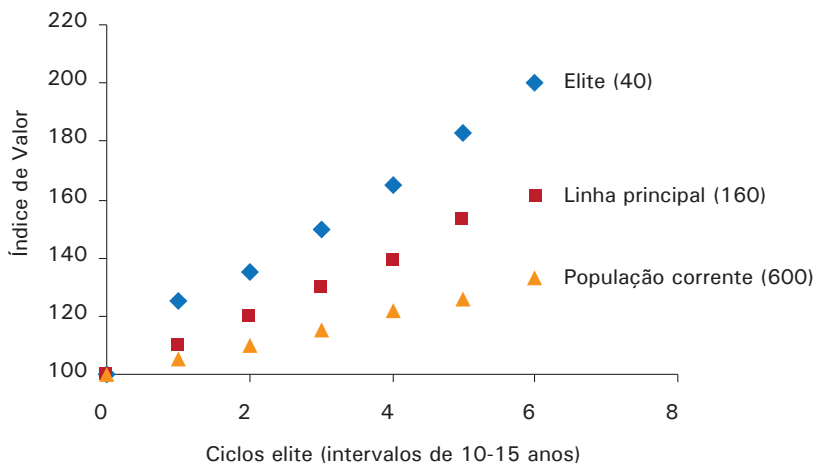


Figura 4. Ganho esperado sobre o tempo para populações diferentes de melhoramento. O ganho por geração é assumido ser 10% para cada população, mas a mudança (turnover) de geração é mais rápida na população elite comparado as populações principais de 160 árvores no terceiro ciclo do programa e a população principal de recrutamento de 600 árvores.

Fonte: McKeand e Bridgwater (1998).

Estabelecimento de sublinhas

O propósito principal do melhoramento em sublinhas (subline breeding) é manejar ou controlar o parentesco entre membros das populações de produção, mas também providenciam a oportunidade de explorar efeitos genéticos não aditivos em populações de melhoramento e de produção (pomares) (WU; MATHESON, 2004).

Um sistema de sublinha não é somente efetivo para manejar a endogamia e a variância genética, mas é também muito efetivo para manejar séries de populações pequenas e homogêneas de árvores ordenadas ao longo de gradientes ambientais contínuos. Não há regiões de melhoramento (breeding regions) discretas na Cooperativa, mas uma série contínua de populações. Os fatores ambientais que afetam performances genotípicas são contínuas, logo diferentes

critérios de seleção podem ser utilizados de uma maneira contínua para manejar as sublinhas. Por exemplo, a importância da resistência à ferrugem-fusifforme muda gradualmente no sentido Norte-Sul e Leste-Oeste. O peso econômico para resistência à ferrugem pode ser mudado em um índice de seleção para sublinhas ocorrendo ao longo de gradientes de ferrugem. As sublinhas também simplificam o manejo genético, pois cada sublinha será manejada por um único membro da Cooperativa. Os problemas logísticos de troca de seleções, pólen, sementes e mudas para reprodução, ensaios e seleção serão eliminados.

Os quatro primeiros progenitores selecionados com valores genéticos “altos” formam uma sublinha. As sublinhas subsequentes seriam constituídas quando seleções apropriadas fossem realizadas. O terceiro ciclo do programa de melhoramento começaria por volta de 1999 quando estimou-se que cerca de 40% a 50% das seleções de terceiro-ciclo estariam disponíveis (Figura 3).

O delineamento de acasalamento para o sistema de sublinha seria um delineamento complementar que combina acasalamento usando mistura de pólen (policruzamento) para estimar capacidade geral de combinação (CGC) e acasalamentos de polinização controlada para seleções (indivíduos) dentro de famílias. Uma mistura de pólen de cerca de 30 seleções médias que difere para regiões diferentes na Cooperativa seria usada para estimativas da CGC dos progenitores. As famílias geradas por polinização controlada seriam usadas somente para providenciar fenótipos para seleção dentro da família. Seis cruzamentos entre 4 progenitores em cada sublinha seriam feitos. As mudas provenientes das polinizações controladas seriam plantadas em blocos de família de irmãos-completos não replicados, e os melhores genótipos seriam selecionados. Os progenitores selecionados para os cruzamentos seriam baseados nos resultados dos testes de mistura de pólen. Os cruzamentos com os valores genéticos esperados mais altos de progenitor médio (média entre os progenitores para dada característica) e mérito mais alto da população (LINDGREN; MULLIN, 1997) seriam identificados, e o(s) melhor(es) fenótipo(s) dentro daqueles cruzamentos seriam selecionados.

De acordo com Lindgren e Mullin (1997), o mérito da população pode ser descrito pela seguinte fórmula:

$$B_w = \bar{g}_w - \frac{c}{2N_{e_w}}$$

em que:

B_w é o mérito da população ou grupo de genótipos; w é o grupo de genótipos que constituem a população considerada; \bar{g}_w é a média dos valores reprodutivos (breeding values) de w ; c é um peso constante; e N_{e_w} é o número efetivo da população, que, segundo Lindgren et al. (1996), é a metade do inverso da coancestralidade média da população. A coancestralidade é o coeficiente de endogamia que ocorreria após o acasalamento.

Haja vista que cada progenitor novo é selecionado para inclusão na população de melhoramento genético, estes progenitores novos seriam estabelecidos em um pomar de melhoramento e enxertados nas copas de árvores maduras (topgraft) e manejados intensivamente para produção de estróbilos. Com a estimulação, os estróbilos femininos podem ser produzidos muito precocemente em *Pinus taeda* (BRAMLETT, 1997; MCKEAND; RALEY, 2000). Deveriam estar disponíveis bastantes estróbilos femininos para que a reprodução (breeding) com a mistura de pólen possa iniciar de 2 a 3 anos após a enxertia. Todas as sementes originadas pela mistura de pólen deveriam estar disponíveis 6 anos após a enxertia.

Na sequência e na Tabela 5, é mostrado o sumário das atividades para o programa de melhoramento de linha principal. Por simplicidade, é assumido que todas as 160 seleções estariam disponíveis ao mesmo tempo – da Figura 3 é óbvio que esse não é o caso. As seleções estariam disponíveis num período de 9 anos e seriam designadas para sublinhas diferentes em uma ordem cronológica. Então, o sumário das atividades seria:

- a. Fazer a polinização por um grupo de genótipos selecionados (policruzamento) para todas as 160 seleções. Isso pode ser feito em aproximadamente 2 anos após a seleção

uma vez que os estróbilos femininos são produzidos tipicamente primeiro e a mistura de pólen já estará disponível. Testes de plantas no campo no ano 6.

- b. Designar 160 clones em 40 sublinhas de 4 progenitores cada em uma ordem cronológica. Designar 4 árvores para cada sublinha baseado em: (1) parentesco – esforçar-se para minimizar parentesco entre sublinhas, não colocando árvores aparentadas, especialmente irmãos, na mesma sublinha; (2) a locação física das árvores aparentadas – assegurar que somente um membro da Cooperativa seja responsável por uma sublinha; e (3) florescimento – designar as primeiras árvores que florescerem para uma sublinha.
- c. Fazer os seis cruzamentos entre os quatro progenitores em cada sublinha.
- d. Finalizar o plantio dos cruzamentos de irmãos-completos de pelo menos 36 árvores por parcela/bloco aproximadamente no ano 10. Fazer seleções finais aproximadamente no ano 16.

Tabela 5. Linha de tempo idealizada para atividades de melhoramento na população da linha principal para um programa local no terceiro ciclo ¹.

Ano	Atividade
0	Selecionar e enxertar 160 seleções dentro de pomar de melhoramento
5	Realizar policruzamento nos 160 genótipos
6	Fazer testes com plantas originadas de policruzamento para estimar valores genéticos dos 160 progenitores
8	Estruturar os 160 genótipos em 40 sublinhas e realizar os 6 cruzamentos entre os 4 progenitores em cada sublinha
10	Finalizar o plantio de todas as famílias de irmãos-completos em blocos
16	Finalizar a seleção de indivíduos superiores originados das famílias de irmãos-completos que possuem os valores genéticos e mérito de população mais altos baseados em testes de policruzamento
16	Iniciar novo ciclo

⁽¹⁾ Para simplicidade e ilustração, assumiu-se que todos 160 progenitores estariam disponíveis no mesmo tempo.

As seleções do terceiro ciclo na realidade estariam disponíveis num período de 9 anos (Figura 3).
Fonte: McKeand e Bridgwater (1998).

Com a diferença de tempo dentro de uma geração de quando as seleções estariam disponíveis (Figura 3), a estratégia adotada é similar

ao conceito de “rolando para a frente” de Borralho e Dutkowski (1996), o qual parece ter muitas vantagens. Na estratégia de rolando para frente, em vez de esperar que todas as seleções dentro de uma geração estejam disponíveis, as melhores árvores são acasaladas a cada ano independentemente da geração a qual pertencem. As sublinhas de quatro árvores provavelmente seriam geradas em classes diferentes e, num certo momento, as sublinhas variariam quanto ao número de gerações de melhoramento. Além de tudo, o melhoramento não deveria atrasar para a população inteira da linha principal, devido a alguns clones que florescem tardiamente.

Populações elite

Um benefício significativo em reduzir o tamanho e o esforço no programa da linha principal é dando mais ênfase às populações elite, em que um ganho no curto prazo e os benefícios financeiros seriam substanciais. O ganho adicional a ser obtido do melhoramento somente das árvores selecionadas mais intensamente para regiões geográficas foi a razão principal de incluir populações elite dentro da hierarquia da Cooperativa para as populações de melhoramento (WILLIAMS; HAMRICK, 1996). Existe um aumento substancial na intensidade de seleção proveniente da utilização somente dos melhores progenitores em uma população de recrutamento em vez de todas as 160 árvores.

Numerosas opções estão disponíveis para o manejo de populações elite. Antes do que desenvolver uma estratégia de melhoramento de população elite para todos os cooperados, as populações elite seriam adaptadas para cada cooperado ou subgrupos de cooperados. Os membros individuais ou grupos de membros decidiriam se e como suas populações elite seriam manejadas. As populações podem ser estruturadas usando genótipos locais ou não locais para utilizar somente os efeitos da capacidade de combinação geral (CGC) ou a CGC junto com a capacidade de combinação específica (CCE). Um dos benefícios principais das populações elite é que os ciclos de melhoramento podem ser completados mais rapidamente do que na linha principal, logo qualquer estratégia adotada deve ter como característica ciclo de geração rápido.

Para aumentar o ganho no curto prazo, o maior número de cruzamentos possível deveria ser realizado entre os 40 progenitores na população elite. Enquanto um dialelo de 40 árvores é não realístico (780 cruzamentos e 40 autopolinizações), cinco dialelos de 8 árvores (140 cruzamentos mais 40 autopolinizações) geram uma grande população, da qual se obtém um ganho substancial. Se futuros melhoristas desejarem manter um sistema de sublinhas dentro da população elite, árvores aparentadas provenientes de cada dialelo podem ser mantidas dentro das sublinhas. Os cruzamentos de irmãos-completos e meios-irmãos poderiam ser um caminho de manter a integridade genética de uma sublinha.

Espera-se que as populações elite tenham ciclos mais rápidos do que a linha principal, pois são um quarto do número de árvores desta; logo mais esforço será devotado para a população elite. Com poucas árvores para reproduzir nas populações elite, cruzamentos com mistura de pólen e acasalamentos de irmãos-completos deveriam ser completados em pelo menos 3 anos mais rápido do que na população da linha principal (Figura 3).

Problemas adicionais

Uma questão final diz respeito à compatibilidade do plano de melhoramento do terceiro ciclo com novas tecnologias em silvicultura e genética. Se a propagação vegetativa de *Pinus taeda* maduro se tornar praticável, melhoristas podem querer reconsiderar a reprodução para capacidade específica de combinação bem como para capacidade geral de combinação no programa de linha principal. As pequenas sublinhas prestam muito bem para uma estratégia pareada de sublinhamento ou uma seleção recorrente recíproca para desenvolver CEC e CGC (MCKEAND et al., 1986). Outra opção disponível para qualquer cooperado é desenvolver CEC e CGC em populações elite.

A propagação vegetativa poderia também mudar e aumentar o programa de seleção e ensaio. Se indivíduos dentro de famílias podem ser replicados clonalmente, a herdabilidade dentro de família seria muito maior, e o ganho da seleção dentro de família seria aumentado. Adicionalmente, para explorar CEC e CGA mais

completamente nas populações de produção, cruzamentos adicionais entre progenitores e plantio de suas progênies de irmãos-completos em ensaios repetidos no campo podem ser desejáveis.

Arranjos e Trabalhos Realizados Recentemente pela Cooperativa

De acordo com Li (2003), o Programa de Melhoramento de Árvore da Cooperativa da Indústria e a Universidade Estadual da Carolina do Norte completaram dois ciclos de melhoramento de *Pinus taeda* e programa de testes. Haja vista que as seleções do terceiro ciclo de seleções estão sendo completadas, um eficiente plano de melhoramento para o terceiro ciclo está sendo finalizado para assegurar os benefícios no curto e longo prazos para os membros da Cooperativa. Enquanto uma estrutura geral do plano do terceiro ciclo de melhoramento tem sido sugerida para esforços de melhoramento e implementação, somente recentemente o plano de implementação detalhado tem sido finalizado. Baseado em resultados de simulação de pesquisa e considerações práticas do trabalho já realizado e arranjos logísticos, um plano de instalação para o terceiro ciclo de melhoramento foi esboçado. Três zonas de testes principais serão usadas para o programa de melhoramento de *Pinus taeda* da cooperativa: (1) Norte – Virginia e norte da Carolina do Norte; (2) Costeira: planície costeira Atlântica e Golfo Inferior; e (3) Planalto de Piedmont – regiões de Piedmont da Carolina do Sul, Geórgia e Golfo Superior (Figura 5). Uma composição de pólen comum será usada dentro de cada zona para reprodução do tipo policruzamento e avaliação de seleções do terceiro ciclo ao longo dos sítios dentro dessa zona. As populações de melhoramento genético da linha principal serão estruturadas como sublinhas para manejar a variação genética e endogamia para melhoramento no longo prazo. Um delineamento complementar de policruzamento e um dialelo modificado (dialelo inteligente, Figura 6) serão usados para melhoramento da linha principal. O policruzamento será usado para estimar valores de reprodução para classificar seleções, seguido por acasalamento dialelo inteligente para prover as progênies para seleção dentro da família. Os testes do tipo policruzamento serão estabelecidos com um delineamento de parcela de árvore única em diferentes sítios dentro de cada zona, enquanto os cruzamentos

do tipo dialelo inteligente serão plantados em blocos de famílias de irmãos-completos para seleção dentro de família. Os melhores indivíduos serão reproduzidos intensamente em uma população de melhoramento elite dentro de cada zona para ganho genético em curto prazo.

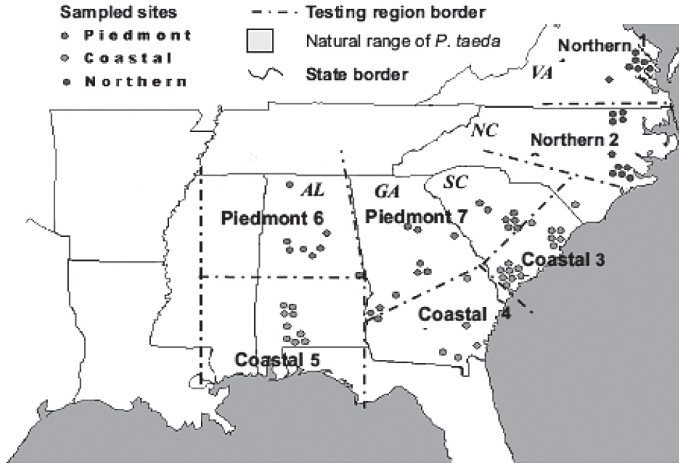


Figura 5. Sete regiões de ensaios em três zonas geográficas (Costeira, Planalto de Piedmont e Norte) do programa de melhoramento de *Pinus taeda* no Sudeste dos USA. A área sombreada é a abrangência natural das espécies; os pontos representam os locais dos ensaios onde progenitores elite foram amostrados para densidade da madeira.

Fonte: Isik et al. (2008).

F/M	1	2	3	4	5	6
1	.	x	.	x	.	x
2		.	x	.	x	.
3			.	x	.	.
4				.	.	.
5					.	.
6						.

Figura 6. Dialelo inteligente – os progenitores são ordenados pelos seus valores reprodutivos e mais cruzamentos são feitos entre os que possuem os maiores valores.

Fonte: Isik (2011).

A previsão feita por McKeand e Bridgwater (1998) sobre silvicultura clonal já é realidade hoje: estacas enraizadas e embriogênese somática representam proporção considerável nos plantios comerciais. Dessa maneira, o retorno econômico da silvicultura clonal depende pesadamente da identificação e replicação de indivíduos dentro de uma família de irmãos-completos, que exibem crescimento superior e melhoramento na qualidade das árvores. Com a tecnologia da embriogênese somática (ES), um suprimento inestimável de linhas clonais geneticamente superiores (elite) pode ser produzido de uma semente. A habilidade de linhas armazenadas criogenicamente serem reproduzidas mais tarde é a vantagem primária em relação à produção clonal usando jardins (hedges) clonais para produção de estacas enraizadas. Como poderia ser esperado, a tecnologia da ES é cara e torna-se importante determinar o quanto mais de crescimento pode ser esperado entre as linhas clonais melhores com as mudas produzidas por sementes do cruzamento dos progenitores disponíveis melhores (MCCALL; ISIK, 2003; PAIT, 2005). Contudo, nos programas de clonagem, antes de simplesmente concentrar os esforços sobre os progenitores superiores, um maior número de cruzamentos deve ser promovido. O uso de mais cruzamentos aumenta a chance de capturar genótipos superiores através da seleção dentro de famílias bem como manter diversidade genética mais ampla, uma consideração importante para programas de implementação de silvicultura clonal (MULLIN et al., 2005).

Apesar da grande importância da silvicultura clonal, a produção de mudas por meio de sementes continua representando a forma comumente usada. No início de 2000, 59% das plantações de *P. taeda* feitas pelas companhias e pequenos proprietários foram originadas de sementes de plantas das melhores famílias de polinização livre (MCKEAND et al., 2003). Nos últimos 10 anos, condutores de pomares de sementes têm tido grande sucesso em desenvolver métodos para produzir de forma massal famílias de irmãos-completos para plantios operacionais. Os ganhos provenientes da qualidade melhorada e produção são impressionantes quando ambos os pais (macho e fêmea) são selecionados (BRIDGWATER et al., 1998; JANSON; LI,

2004). Em 2007, as companhias que produzem mudas em massa de irmãos-completos para plantios comerciais foram analisadas para determinar quantas mudas foram produzidas via polinização controlada em massa. Desde 2000, mais de 94 milhões de mudas de famílias de irmãos-completos têm sido plantados no Sul (Figura 7) (MCKEAND et al., 2007). O custo operacional da polinização controlada é compensado pelo ganho em produção, como visto na Figura 8, em que a produção de madeira dos irmãos-completos foi 17% acima do progenitor mais produtivo (MCKEAND et al., 2008). A propagação de clones selecionados tem também se tornado uma realidade por meio da embriogênese somática, e os ganhos a serem alcançados pelo plantio desses genótipos destacados são enormes (PAIT, 2005). Até 2005, quase 10 milhões de mudas de clones de embriogênese somática foram plantados, e os números aumentam anualmente.

As mudas multiplicadas clonalmente, além de serem mais apropriadas, em termos produtivos – na maioria das vezes –, que as mudas de sementes, possuem algumas vantagens para ensaios e seleção especialmente dentro de famílias de irmãos-completos. Por exemplo, as observações múltiplas sobre cada genótipo melhorariam a estimativa dos fenótipos de modo proeminente, a herdabilidade dentro de família, tornando possível identificar mais efetivamente indivíduos com genótipos agregados desejáveis. Isso é especialmente importante em relação à seleção de características que são expressas fenotipicamente de forma quase imperceptível ou características que são correlacionadas negativamente. Outra vantagem é que uma seleção melhor dentro de família através de testes clonais conduziria diretamente a probabilidade superior de acasalamentos verdadeiramente proeminentes (assortativos positivos) e ganhos superiores por ciclo. A capacidade geral de combinação das seleções identificadas por testes clonais, contudo, teria ainda de ser verificada em testes de progênies do tipo policruzamento antes de serem usadas em pomares de sementes (BYRAM et al., 2005). Por sua vez, Isik et al. (2004) verificaram a eficiência de mudas de famílias de irmãos-completos geradas por sementes e por clones (estaquia) para ensaios e seleção em *Pinus taeda*. Observaram que as herdabilidades para volume foram consideravelmente maiores nos testes clonais do que nos testes de mudas de sementes. As opções

clonais obtiveram ganhos genéticos esperadas maiores do que as opções de mudas por sementes, mesmo após terem sido ajustadas para um ciclo maior de reprodução e custo superior de ensaio.

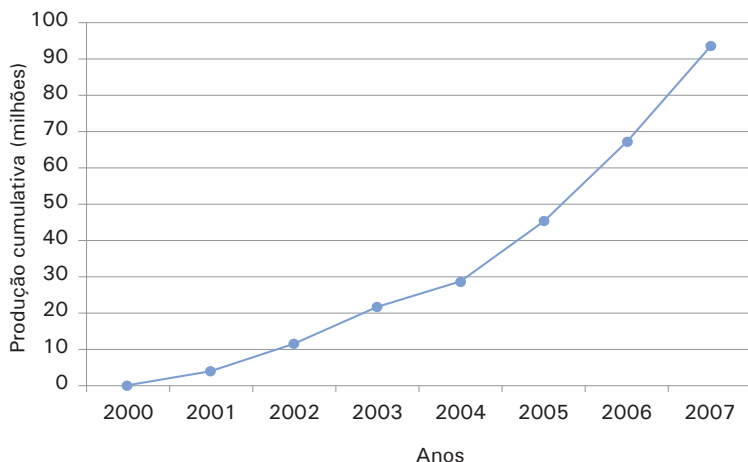


Figura 7. O plantio operacional de famílias de irmãos-completos de *Pinus taeda* tem se tornado uma realidade. Desde 2000, mais de 94 milhões de mudas de famílias de irmãos-completos têm sido plantados por proprietários no Sul dos Estados Unidos.

Fonte: Mckeand et al. (2007).

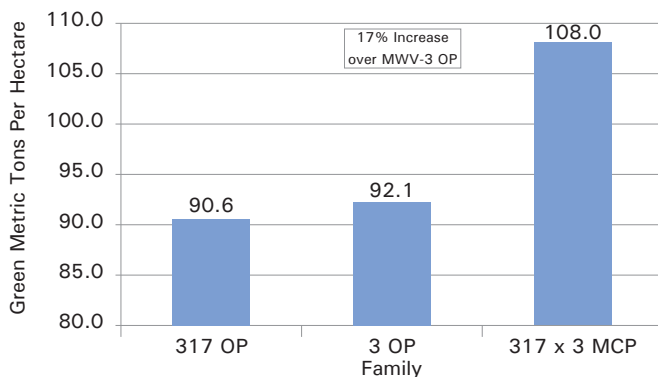


Figura 8. Comparação da produção (toneladas métricas verde por hectare⁽¹⁾) de descendentes de *Pinus taeda* originados de polinização controlada em massa (MCP) em relação a descendentes originados de polinização livre (OP), aos 8 anos de idade.

Fonte: Mckeand et al. (2008)

⁽¹⁾ biomassa de toras recém-cortadas, tendo como base o volume das as toras empilhadas.

Atualmente, os desenvolvimentos em genética molecular estão sendo incorporados às estratégias de melhoramento. A seleção de características simples com o auxílio de marcadores moleculares tem grande utilidade, quando a característica é de difícil medição ou quando se deseja selecionar para diversas características simultaneamente, como no caso de piramidação (ou associação) de genes. No entanto, a seleção assistida por marcadores (SAM) tem sua maior contribuição na seleção de características quantitativas. As associações entre alelos de marcadores moleculares e alelos de locos de características quantitativas (QTLs) podem ser usadas para selecionar, indiretamente, alelos favoráveis de QTLs. Para características de baixa herdabilidade, a SAM apresenta-se como uma alternativa eficiente para permitir a seleção precoce. A seleção precoce diminui o número de plantas a ser analisadas por família, o que permite a avaliação de um número maior de progênies (GUIMARÃES et al., 2009). Os QTLs têm sido identificados para propriedades químicas da madeira importantes assim como a α celulose, hemicelulose e lignina em *Pinus taeda*. Estudos realizados indicam que os QTLs para ângulo de microfibrila, densidade da madeira, crescimento em volume e química da parede celular estão mapeados nos mesmos grupos de ligações, o que sugere poder ser possível o uso de marcadores moleculares para selecionar simultaneamente para características múltiplas (BYRAM et al., 2005).

Para outras biotecnologias assim como do DNA recombinante para aplicação em populações de árvores florestais, os melhoristas devem ter um melhor entendimento do controle genético de características específicas. As populações elite prestam-se para experimentos genéticos muito intensivos em que os melhoristas podem estudar intensivamente alguns indivíduos altamente selecionados para conduzir experimentos de fisiologia e bioquímica necessários. Uma das modalidades do DNA recombinante é a transgenia, em que estudos têm sido realizados com *Pinus taeda*. Em trabalho recente, inseriram-se alguns genes da classe dos fatores de transcrição (FT) de *Pinus taeda* em *Pinus glauca*, e observou-se que os FT podem estar envolvidos na deposição de parede celular secundária e na defesa da planta pela criação de flavonoides em casos de ferimento, tratamento com ácido jasmônico ou exposição ao frio (BOMAL et al., 2008; BEDON et al., 2010).

As informações publicadas mais recentemente pela Cooperativa (NORTH CAROLINA STATE UNIVERSITY, 2010) mencionam que a linha principal de melhoramento tem progredido desde o último ano, com 70% da reprodução via mistura de pólen (policruzamento) completa. O progresso do melhoramento (breeding) via irmãos-completos continua de forma lenta devido às recentes mudanças que priorizaram os policruzamentos. Conquanto grandes áreas estejam sendo plantadas por materiais reproduzidos vegetativamente, a maior proporção das mudas formadas continua sendo produzida através de sementes. Os membros da Cooperativa, por exemplo, coletaram 17,6 toneladas de sementes de *Pinus taeda* em 2009.

Em relação às pesquisas, estudos têm sido realizados especialmente com marcadores moleculares do tipo SNP (polimorfismo de nucleotídeo único) e a ferramenta QTL (locos de características quantitativas), que dependem de prévio mapeamento genético.

Os fenótipos cujos valores reprodutivos (breeding) estão disponíveis na base de dados da cooperativa são altura, volume, retidão, bifurcação e incidência de doença-da-ferrugem. Um total de 1.257 SNPs foram testados para ligação com os fenótipos no experimento de famílias de irmãos-completos, usando uma taxa de descoberta falsa de 5% como limite de significância. Dos 1.257 SNPs testados, 80 foram ligados com fenótipo de altura, 234 foram ligados com volume e 162 foram ligados com defeitos de bifurcação. Os testes adicionais desses SNPs para associações com esses fenótipos estão sendo conduzidos em outras populações a fim de estreitar o leque de candidatos SNPs que são associados de modo reproduzível com esses fenótipos importantes em amostras múltiplas independentes da população de melhoramento genético. A seguir, descreve-se o que tem sido feito na prática com as características bifurcação e galhos grossos.

A análise de cossegregação de marcadores e QTL para bifurcação foi conduzida usando-se progênies replicadas pela clonagem de famílias de irmãos-completos de exocruzamento (outbred) de teste clonal. O mapa de ligação foi construído com três tipos de marcadores contendo vários padrões de segregação [F2, RC1 (retrocruzamento) e RC2]. Um

mapa de ligação foi adquirido com 18 grupos de ligação definido por 409 marcadores de polimorfismo de nucleotídeo único (SNP). Uma análise de marcador único de 1.257 locos identificou 11 e 9 marcadores que estavam associados significativamente com bifurcação do caule e galhos grossos. Esses marcadores SNP explicaram de 7% a 10% da variação fenotípica total para defeitos de bifurcação. Usando o método de mapeamento por intervalo, dois QTL foram identificados para bifurcação, e três QTL, para galhos grossos. Dois QTL foram detectados para ambas as características usando análises de características múltiplas, sugerindo haver efeitos pleiotrópicos em ambas as características. Os resultados deste estudo adicional confirmaram que há controle genético para defeitos de bifurcação, e ganhos genéticos podem ser adquiridos através de seleção de família e clonal. Com os QTL que influenciam os defeitos de bifurcação identificados, seleção assistida por marcador pode ser considerada para decrescer o defeito da bifurcação na população de reprodução de *Pinus taeda*.

Considerações Finais

No Cerrado brasileiro, existem perspectivas favoráveis para o melhoramento de *Pinus*, especialmente os tropicais, dos quais os mais importantes são o *Pinus caribaea* e suas variedades, o *Pinus tecunumanii* e o *Pinus oocarpa*. Em virtude de haver mais publicações a respeito e a importância do *Pinus taeda* no Brasil, foi apresentado o esquema de melhoramento realizado pela Cooperativa da Universidade Estadual da Carolina do Norte (UECN), que pode também servir como exemplo para os *Pinus* tropicais. A cooperativa da UECN vem desenvolvendo estudos de pesquisa em melhoramento genético de *Pinus taeda* desde o final dos anos 1950. A base do esquema é a seleção recorrente, que visa a aumentar gradativamente a frequência de alelos desejáveis para características quantitativas, por meio de repetidos ciclos de seleção, sem reduzir a variabilidade genética da população. Esse método envolve três etapas: (i) obtenção de progênies; (ii) avaliação de progênies; e (iii) recombinação das progênies superiores para formar a geração seguinte. O primeiro ciclo de melhoramento genético de indivíduos fenotipicamente superiores utilizou poucos

testadores, limitando a diversidade genética. Para o segundo ciclo de reprodução, a base genética foi ampliada com inserções de novos materiais genéticos, e a seleção de irmãos-completos realizou-se em esquema de metade de dialelo desconetado. Para o terceiro ciclo de melhoramento, desenvolveu-se esquema de população principal e elite com objetivos de controlar a endogamia e acelerar as etapas de melhoramento genético para obtenção de ganhos em produção em menor tempo do que etapas anteriores. Para que esses objetivos sejam atendidos, a Cooperativa está usando técnicas de biotecnologia como seleção assistida por marcadores, embriogênese somática e DNA recombinante, bem como técnicas mais tradicionais como enxertia, polinização controlada e estaquia.

Referências

ABRAF (Associação Brasileira de Produtores de Florestas Plantadas).

Estatísticas. 2010. Disponível em: <<http://www.abraflor.org.br/estatisticas/ABRAF10-BR.pdf>>. Acesso em: 07 jul. 2010.

AMBIENTE BRASIL. **Melhoramento genético florestal x agrícola.** 2011a. Disponível em: <http://ambientes.ambientebrasil.com.br/florestal/melhoramento_florestal/melhoramento_genetico_florestal_x_agricola.html>. Acesso em: 18 nov. 2011.

AMBIENTE BRASIL. **Produção de sementes melhoradas.** 2011b. Disponível em: <http://ambientes.ambientebrasil.com.br/florestal/melhoramento_florestal/producao_de_sementes_melhoradas.html>. Acesso em: 18 nov. 2011.

ASSIS, T. F.; RESENDE, M. D. V. Genetic improvement of forest tree species. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** S1: p. 44-49, 2011. (Brazilian Society of Plant Breeding).

BEDON, F.; BOMAL, C.; CARON, S.; LEVASSEUR, C.; BOYLE, B.; MANSFIELD, S. D.; SCHMIDT, A.; GERSHENZON, J.; GRIMA-PETTENATI, J.; SEGUIN, A.; MACKAY, J. Subgroup 4 R2R3-MYBs in conifer trees: gene family expansion and contribution to the isoprenoid and flavonoid oriented responses. **Journal of Experimental Botany**, v. 61, n. 14, p. 3847-3864, 2010.

- BOMAL, C.; BEDON, F.; CARON, S.; MANSFIELD, S. D.; LEVASSEUR, C.; COOKE, J. E. K.; BLAIS, S.; TREMBLAY, L.; MORENCY, M. J.; PAVY, N.; GRIMA-PETTENATI, J.; SEGUIN, A.; MACKAY, J. Involvement of *Pinus taeda* MYB1 and MYB8 in phenylpropanoid metabolism and secondary cell wall biogenesis: a comparative in planta analysis. **Journal of Experimental Botany**, v. 59, n. 14, p. 3925-3939, 2008.
- BORRALHO, N. M. G.; DUTKOWSKI, G. W. A 'rolling-front' strategy for breeding trees. In: DIETERS, M. J.; MATHESON, A. C.; NIKLES, D. G.; HARWOOD, C. E.; WALKER, S. M. (Ed.). **Tree Improvement for Sustainable Tropical Forestry**. Proc. QFRI-IUFRO Conf. Caloundra, Queensland, Australia, 1996. p. 317-322.
- BRAMLETT, D. L. Genetic gain from mass controlled pollination and topworking. **Journal of Forestry**, v. 95, n. 3, p. 15-19, 1997.
- BRIDGWATER, F. E. Mating designs. In: FINS, L.; FRIEDMAN, S. T.; BROTSCHOL, J. V. (Ed.). **Handbook of quantitative forest genetics**. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 1992. p. 69-95.
- BRIDGWATER, F. E.; BRAMLETT, D. L.; BYRAM, T. D.; LOWE, W. J. Controlled mass pollination in loblolly pine to increase genetic gains. **The Forestry Chronicle**, v. 74, n. 2, p. 185-189, 1998
- BYRAM, T. D.; MYSZEWSKI, J. H.; GWAZE, D. P.; LOWE, W. J. Improving wood quality in the western gulf forest tree improvement program: the problem of multiple breeding objectives. **Tree Genetics & Genomes**, v. 1, n. 3, p. 85-92, 2005.
- FERREIRA, A. R. **Análise genética e seleção em testes dialélicos de *Pinus taeda* L.** 2005. 196 f. Universidade Federal do Paraná. Curso de Pós-Graduação em Engenharia Florestal (Doutor em Ciências Florestais), Curitiba, Paraná, 2005.
- FURLAN, R. A.; MORI, E. S.; TAMBARUSSI, E. V.; MORAES, C. B.; JESUS, F. A.; ZIMBACK, L. Estrutura genética de populações de melhoramento de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* por meio de marcadores microssatélites. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 553-563, 2007.
- GUIMARÃES, C. T.; MAGALHÃES, J. V.; LANZA, M. A.; SCHUSTER, I. Marcadores moleculares e suas aplicações no melhoramento genético. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 30, n. 253, p. 86-95, 2009.
- HODGE, G. R.; WHITE, T. L. Advanced-generation wind-pollinated seed orchard design. **New Forests**, v. 7, n. 3, p. 213-236, 1993.
- ISIK, F.; LI, B.; FRAMPTON, J.; GOLDFARB, B. Efficiency of seedlings and rooted cuttings for testing and selection in *Pinus taeda*. **Forest Science**, v. 50, n. 1, p. 44-53, 2004.

ISIK, F.; LI, B.; GOLDFARB, B.; MCKEAND, S. Prediction of wood density breeding values of *Pinus taeda* elite parents from unbalanced data: A method for adjustment of site and age effects using common checklots. **Annals of Forest Science**, v. 65, n. 4, article 406, 12 p, June 2008.

ISIK, F. **Analysis of diallel progeny test with SAS**. Disponível em: < <http://www4.ncsu.edu/~fisik/Analysis%20of%20Diallel%20Progeny%20Test%20with%20SAS.pdf> > . Acesso em: 11 jan. 2011.

JANSON, G.; LI, B. Genetic gains of full-sib families from disconnected diallels in loblolly pine. **Silvae Genetica**, v. 53, n. 2, p. 60-64, 2004.

JETT, J. B.; TALBERT, J. T. The place of wood specific gravity in the development of advanced-generation seed orchards and breeding programs. **Southern Journal Of Applied Forestry**, v. 6, p. 177–180, 1982.

JOHNSON, G. R.; KING, J. N. Analysis of half-diallel mating designs: I – A practical analysis procedure for ANOVA approximation. **Silvae Genetica**, v. 47, p. 74–79, 1998.

LI, B.; MCKEAND, S. E.; WEIR, R. J. Genetic parameter estimates and selection efficiency for the loblolly pine breeding the south-eastern U. S. In: DIETERS, M. J.; MATHESON, A. C.; NIKLES, D. **Forestry**. QFRI-IUFRO Conference, Caloundra, 1996. p. 164–168. Proceedings.

LI, B. L.; MCKEAND, S.; HATCHER, A.; WEIR, R. Genetic gains of second generation selections from the NCSU-Industry Cooperative tree improvement program. In: SOUTHERN FOREST TREE IMPROVEMENT CONFERENCE, 24., 1997, Orlando. Orlando: University of Florida, School of Forest Resources and Conservation, 1997. p. 234-238.

LI, B. L. Implementation of Third–Cycle Loblolly Pine Breeding Plan – N. C. State University-Industry Cooperative Tree Improvement Program. In: SOUTHERN FOREST TREE IMPROVEMENT CONFERENCE, 27., 2003, Stillwater. Stillwater: Oklahoma State University, 2003. p. 81.

LI, B.; MCKEAND, S. E.; WEIR, R. J. Tree improvement and sustainable forestry impact of two cycles of loblolly pine breeding in the US. **Forest Genetics**, v. 6, p. 229-234, 1999.

LINDGREN, D.; GEA, L. D.; JEFFERSON, P. A.: Loss of genetic diversity monitored by status number. **Silvae Genetica**, v. 45, p. 52–59, 1996.

LINDGREN, D.; MULLIN, T. J. Balancing gain and relatedness in selection. **Silvae Genetica**, v. 46, n. 2/3, p. 124-129, 1997.

LSTIBŮREK, M.; EL-KASSABY, Y. A. Advanced-generation seed orchard designs. In: LINDGREN, D. (Ed.). **Seed orchards**. Conference at Umeå, Sweden, 2007. Proceedings... 2008. p. 155-160.

MAHALOVICH, M. F. **Modeling positive assortative mating and elite populations in recurrent selection programs for general combining ability**. 1990. 129 p. PhD Thesis, North Carolina State University, Raleigh.

MCCALL, E.; ISIK, F. Volume gains of rooted loblolly pine clones at age 10 in Florida and Alabama. In: SOUTHERN FOREST TREE IMPROVEMENT CONFERENCE, 27., 2003, Stillwater. Stillwater: Oklahoma State University, 2003. p. 190-196.

MCELWEE, R. L. **Radioactive tracer techniques for pine pollen flight studies and an analysis of short range pollen behavior**. 1970. 97 f. Ph. D. Dissertation, N. C. State University.

MCKEAND, S. E.; BRIDGWATER, F. E. A strategy for the third breeding cycle of loblolly pine in the southeastern U. S. **Silvae Genetica**, v. 47, n. 4, p. 223-234, 1998.

MCKEAND, S. E.; FOSTER, G. S.; BRIDGWATER, F. E. Breeding systems for pedigree-controlled production populations of loblolly pine. In: WORKSHOP ON ADVANCED GENERATION BREEDING: Current Status and Research Needs, 1984, Baton Rouge. Proceedings... 1986. p. 53-61.

MCKEAND, S. E.; RALEY, E. M. Interstock effects on strobilus initiation in topgrafted loblolly pine. **Forest Genetics**, v. 7, n. 3, p. 179-182, 2000.

MCKEAND, S.; MULLIN, T.; BYRAM, T.; WHITE, T. Deployment of genetically improved loblolly and slash pine in the South. **Journal of Forestry**, Bethesda, v. 101, n. 3, p. 32-37, 2003.

MCKEAND, S. E.; ZOBEL, B. J.; BYRAM, T. D.; HUBER, D. A. Southern Pine Tree Improvement – A Living Success Story. In: SOUTHERN FOREST TREE IMPROVEMENT CONFERENCE, 29., 2007, Galveston. Tree Improvement in North America: Past, Present, and Future: proceedings... 2007.

MCKEAND, S. E.; GERWIG, D. M.; CUMBIE, W. P.; JETT, J. B. Seed orchard management strategies for deployment of intensively selected loblolly pine families in the southern US. In: LINDGREN, D. (Ed.). **Seed orchards**. 2008. Conference at Umeå, Sweden, 2007. p.177-182. Proceedings...

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

MORAES NETO, S. P. de; DUBOC, E. **Parâmetros genéticos da densidade básica da madeira de *Pinus caribaea* var. *hondurensis***. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2008. 18 p. (Embrapa Cerrados. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 213).

MORAES NETO, S. P. de; MELO, J. T. de. **Índices de seleção para famílias de meios-irmãos de *Pinus caribaea* var. *hondurensis***. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2006a. 21 p. (Embrapa Cerrados. Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 174).

MORAES NETO, S. P. de; MELO J. T. de. **Índices de seleção para famílias de meios-irmãos de *Pinus tecunumanii***. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2006b. 23 p. (Embrapa Cerrados. Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 173).

MORAES NETO, S. P. de; MELO J. T. de. **Parâmetros genéticos da densidade básica da madeira de *Pinus oocarpa***. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2008. (Embrapa Cerrados. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 212).

MORAES NETO, S. P. de; FALQUETO, L. L. M.; SOUSA, T. G. de. **Seleção simultânea de caracteres por indivíduo no melhoramento de *Pinus caribaea* var. *hondurensis***. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007a. 19 p. (Embrapa Cerrados. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 189).

MORAES NETO, S. P. de; MARQUES, L. R.; SOUZA, J. L. de. **Seleção simultânea de caracteres por indivíduo no melhoramento de *Pinus tecunumanii***. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007b. 19 p. (Embrapa Cerrados. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 190).

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

MOURA, V. P. G.; DVORAK, W. S. Provenance and family variation of *Pinus caribaea* var. *hondurensis* from Guatemala and Honduras, grown in Brazil, Colombia and Venezuela. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 2, p. 225-234, fev. 2001.

MOURA, V. P. G.; DVORAK, W. S.; HODGE, G. R. Provenance and Family variation of *Pinus oocarpa* grown in the Brazilian Cerrado. **Forest Ecology and Management**, v. 109, p. 315-322, 1998.

MOURA, V. P. G.; VALE, A. T. do. 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, dez. 2002.

MULLIN, T. J.; LSTIBŮREK, M.; PAIT, J.; EL-KASSABY, Y. A. The Impact of Variable Success of Somatic Embryogenesis Among Elite Crosses on Expected Genetic Gain and Diversity of Selected Varieties. In: SOUTHERN FOREST TREE IMPROVEMENT CONFERENCE, 28th, 2005. p. 92-94.

NORTH CAROLINA STATE UNIVERSITY. Industry Cooperative. Tree Improvement Program. **26th Annual Report**. 1982. 72 p. Disponível em: < http://www.treeimprovement.org/sites/default/files/annual_reports/1982_Annual_Report_26.pdf >. Acesso em: 15 fev. 2011.

NORTH CAROLINA STATE UNIVERSITY. Cooperative Tree Improvement Program. **54th Annual Report**. 2010. 24 p. Disponível em: <<http://www.treeimprovement.org/sites/default/files/54thAnnualReport%282010%29.pdf>>. Acesso em: 10 dez. 2010.

PAIT, J. Clonal forestry: out of the lab, finally. In: BIENNIAL SOUTHERN FOREST TREE IMPROVEMENT CONFERENCE, 28., 2005, Raleigh. **Proceedings...** Disponível em: <<http://www.ces.ncsu.edu/nreos/forest/feop/Agenda2005/SFTIC/proceedings.pdf>>. Acesso em: 05 mar. 2011.

REMADE. PMVA. **Revista da Madeira**, n. 68, dez. 2002. Disponível em: <http://www.remade.com.br/br/revistadamadeira_materia.php?num=267&subject=PMVA&title=PMVA>. Acesso em: 15 mar. 2011.

SAMPAIO, P. T.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genéticos de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 11, p. 2243-2253, nov. 2000.

SAMPAIO, P. T.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus oocarpa* Schiede. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 5, p. 625-636, maio 2002.

SHIMIZU, J. Y. **Cultivo do Pinus**. 2005. Disponível: <http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Pinus/CultivodoPinus/03_2_pinus_taeda.htm>. Acesso em: 07 jul. 2010.

SHIMIZU, J. **Pinus na silvicultura brasileira**. Disponível em: <<http://www.ufsm.br/cepef/artigos/Pinus%20na%20silvicultura%20brasileira.pdf>>. Acesso em: 18 nov. 2011.

SILVA, J. M. **Análises genéticas em progênes de *Pinus caribaea* Morelet var. *caribaea* por caracteres quantitativos e marcadores moleculares**. 2005. 129 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia – área de concentração: Sistemas de Produção) – Faculdade de Engenharia, UNESP, Ilha Solteira, São Paulo, 2005.

TALBERT, J. T. An advanced-generation breeding plan for the N.C. State University-Industry Pine Tree Improvement Cooperative. **Silvae Genetica** v. 28, p. 72–75, 1979.

TALBERT, J. T. One generation of loblolly pine tree improvement: results and challenges. In: POLLARD, D. F. W.; EDWARDS, D. G.; YEATMAN, C. W. (Ed.). **18th Meeting of the Canadian Tree Improvement Association**, Part 2. Duncan, Canada, 1982. p. 106-120.

TALBERT, J. T.; BRIDGWATER, F. E.; LAMBETH, C. C. **Genetic testing manual**. [s. l.]: N. C. State University-Industry Cooperative Tree Improvement Program, 1981. 37 p.

WEIR, R. J.; ZOBEL, B. J. Managing genetic resources for the future, a plan for the N.C. State Industry Cooperative Tree Improvement Program. In: SOUTHERN FOREST TREE IMPROVEMENT CONFERENCE, 13., 1975, Raleigh. **Proceedings...** p. 73-82.

WILLIAMS, C. G.; HAMRICK, J. L. Elite populations for conifer breeding and gene conservation. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 26, p. 453-461, 1996.

WRIGHT, J. W. **Introduction to forest genetics**. New York: Academic Press, 1976. 403 p.

WU, H. X.; MATHESON, A. C. Analysis of half-diallel mating design with missing crosses: theory and SAS program for testing and estimating GCA and SCA fixed effects. **Silvae Genetica**, v. 49, n. 3, p. 130-137, 2000.

WU, H. X.; MATHESON, A. C. General and specific combining ability from partial diallels of radiata pine: implications for utility of SCA in breeding and deployment populations. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 108, p. 1503-1512, 2004.

ZOBEL, B. J.; SPRAGUE, J. R. **A Forestry Revolution: the history of tree improvement in the Southern United States**. Raleigh: Carolina Academic Press, 1993. p. 161.

Apêndice

A

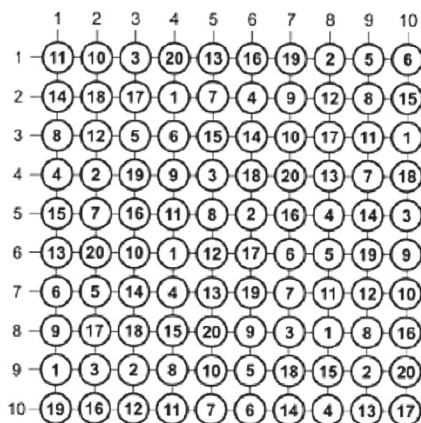
A	B	C	D	A	B	C	D
<i>k</i>	<i>l</i>	<i>i</i>	<i>j</i>	<i>k</i>	<i>l</i>	<i>i</i>	<i>j</i>
E	F	G	H	E	F	G	H
<i>c</i>	<i>d</i>	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>c</i>	<i>d</i>	<i>a</i>	<i>b</i>
I	J	K	L	I	J	K	L
<i>g</i>	<i>h</i>	<i>e</i>	<i>f</i>	<i>g</i>	<i>h</i>	<i>e</i>	<i>f</i>
A	B	C	D	A	B	C	D
<i>k</i>	<i>l</i>	<i>i</i>	<i>j</i>	<i>k</i>	<i>l</i>	<i>i</i>	<i>j</i>
E	F	G	H	E	F	G	H
<i>c</i>	<i>d</i>	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>c</i>	<i>d</i>	<i>a</i>	<i>b</i>
I	J	K	L	I	J	K	L
<i>g</i>	<i>h</i>	<i>e</i>	<i>f</i>	<i>g</i>	<i>h</i>	<i>e</i>	<i>f</i>
A	B	C	D	A	B	C	D

B

A	B	C	D	A	B	C	D
<i>o</i>	<i>p</i>	<i>m</i>	<i>n</i>	<i>o</i>	<i>p</i>	<i>m</i>	<i>n</i>
E	F	G	H	E	F	G	H
<i>s</i>	<i>t</i>	<i>q</i>	<i>r</i>	<i>s</i>	<i>t</i>	<i>q</i>	<i>r</i>
I	J	K	L	I	J	K	L
<i>c</i>	<i>d</i>	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>c</i>	<i>d</i>	<i>a</i>	<i>b</i>
M	N	O	P	M	N	O	P
<i>g</i>	<i>h</i>	<i>e</i>	<i>f</i>	<i>g</i>	<i>h</i>	<i>e</i>	<i>f</i>
Q	R	S	T	Q	R	S	T
<i>k</i>	<i>l</i>	<i>i</i>	<i>j</i>	<i>k</i>	<i>l</i>	<i>i</i>	<i>j</i>
A	B	C	D	A	B	C	D
<i>o</i>	<i>p</i>	<i>m</i>	<i>n</i>	<i>o</i>	<i>p</i>	<i>m</i>	<i>n</i>
E	F	G	H	E	F	G	H
<i>s</i>	<i>t</i>	<i>q</i>	<i>r</i>	<i>s</i>	<i>t</i>	<i>q</i>	<i>r</i>
I	J	K	L	I	J	K	L
<i>c</i>	<i>d</i>	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>c</i>	<i>d</i>	<i>a</i>	<i>b</i>
M	N	O	P	M	N	O	P
<i>g</i>	<i>h</i>	<i>e</i>	<i>f</i>	<i>g</i>	<i>h</i>	<i>e</i>	<i>f</i>
Q	R	S	T	Q	R	S	T
<i>k</i>	<i>l</i>	<i>i</i>	<i>j</i>	<i>k</i>	<i>l</i>	<i>i</i>	<i>j</i>

Apêndice 1. Exemplos de delineamentos sistemáticos (A – 12 clones padrões; B – 20 clones padrões) para pomares de sementes combinados de progenitores e descendentes. Seleções de progenitores são listadas em letra maiúscula e de descendentes em letra minúscula e itálico. Seleções de progenitores e descendentes aparentados são designadas pelas mesmas letras (por exemplo, A e a).

Fonte: Hodge & White (1993).



Apêndice 2. Um exemplo de “Endogamia Mínima” num delineamento de pomar de sementes mostrando separação entre rametes replicados do mesmo clone e separação global e randomização entre 20 clones, cada um com 5 rametes.

Fonte: Lstibůrek e El-Kassaby (2008).

Female	Male																		
	Diallel 1					Diallel 2						Diallel 3							
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	...
1		x	x	x	x	x													
2			x	x	x	x													
3				x	x	x													
4					x	x													
5						x													
6							x												
7								x	x	x	x	x							
8									x	x	x	x							
9										x	x	x							
10											x	x							
11												x							
12													x						
13														x	x	x	x	x	
14															x	x	x	x	
15																x	x	x	
16																	x	x	
17																		x	
18																			x
...																			...

Apêndice 3. Ilustração de delineamento de acasalamento de diallelo desconectado usado no Programa de Melhoramento de Árvore da Cooperativa da Universidade Estadual da Carolina do Norte.

Fonte: Jansson e Li (2004).

Prospects for the Improvement of *Pinus sp.* in Brazilian Cerrado and Scheme Conducted in Cooperative of U.S.

Abstract

*In Brazilian Cerrado there are favorable prospects for the improvement of pines, especially tropicals, of which the most important are the *Pinus caribaea* and its varieties, the *Pinus tecunumanii* and the *Pinus oocarpa*. Due to the fact that there are more publications to respect and the importance of *Pinus taeda* in Brazil, was presented the outline of improvement achieved by the Cooperative of the North Carolina State University (NCSU), which can also serve as an example to the tropical pines. The North Carolina State University cooperative tree improvement program began in the late 1950s. In the early days of the program, were selected superior phenotypically trees in natural occurrence areas, which were grafted to formation of seed orchards. Simultaneously progeny tests were performed, where the pollination of selected trees were conducted by four or five testers (first cycle of breeding). Selecting the best trees of the best families of first cycle of breeding and grafting them were established the second generation seed orchards. During the second cycle of breeding were used disconnected half diallel mating designs, including superior individuals from unimproved stands. Choosing the best individuals of these matings were constructed improved 2nd generation seed orchards. In the third cycle of breeding have been used mainline population schemes, within which have been chosen elite populations of best individuals.*

The mainline populations have been mated using polycross schemes to determine the general combining ability (GCA). The mainline populations have been structured in sublimes, inside of which have been mated in smart diallel plans. The selection of individuals originated of full sibs have been based on polycross tests. The best individuals of best families have been used to form the 3rd generation seed orchards.

Index Terms: recurrent selection, seed orchard, genetic gain, mating designs.

Embrapa

Cerrados

Ministério da
**Agricultura, Pecuária
e Abastecimento**

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
PAÍS RICO É PAÍS SEM POBREZA

CGPE 10598