

Ganho esperado na seleção de progênies de *Pinus elliottii* var. *elliottii* em idade precoce para produção de madeira

Juliana Prado Moreira¹, Jarbas Yukio Shimizu², Valderês Aparecida Sousa³, Mario Luis Teixeira Moraes¹, Nara Fernandes Moura⁴, Ananda Virginia de Aguiar³

¹Universidade Estadual Paulista "Julio de Mesquita Filho", Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Ilha Solteira, SP, Brasil

²Consultor externo

³Embrapa Floresta, Estrada Ribeira, Km 111, CEP 83411-000, Colombo, PR, Brasil

⁴Universidade Federal de Goiás, Av. Esperança, s/n, setor Itatiaia, CEP 74001-970, Goiânia, GO, Brasil

*Autor correspondente:
julianapmbio@yahoo.com.br

Termos para indexação:

REML/BLUP
Correlações
Diversidade genética
Ganho de seleção
Melhoramento genético

Index terms:

REML/BLUP
Genetic improvement
Genetic diversity
Repeatability
Heritability

Histórico do artigo:

Recebido em 12/02/2013
Aprovado em 15/04/2014
Publicado em 07/07/2014

doi: 10.4336/2014.pfb.34.78.488

Resumo - *Pinus elliottii* var. *elliottii* é a segunda espécie mais utilizada em reflorestamentos nas regiões subtropicais do Brasil, devida a sua boa performance na produção de madeira e resina. Assim, o objetivo do presente trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e prever os ganhos genéticos possíveis mediante seleções em idade precoce em progênies de *P. elliottii* para a produção de madeira. O experimento foi estabelecido no delineamento em blocos completos casualizados, com 76 tratamentos (75 progênies de um pomar de sementes clonal e um controle de plantio comercial), no espaçamento de 3 m x 3 m. A altura total foi avaliada no primeiro, segundo e terceiro anos após o plantio e o diâmetro a 1,30 m do solo (DAP) somente no terceiro ano após o plantio. O volume individual de madeira e o incremento médio anual foram calculados com base nesses caracteres. As análises de deviance e as estimativas dos parâmetros genéticos foram realizadas com o programa Selegen-REML/BLUP. Variação genética significativa foi detectada entre progênies. As herdabilidades individuais no sentido restrito foram de 0,25 e 0,42 em DAP e altura, respectivamente. Conclui-se que a variação genética é suficientemente alta para possibilitar ganhos genéticos mediante seleção dos indivíduos e progênies mais produtivos, visando à composição de pomares de sementes e plantios comerciais, tendo sido observado genótipos mais produtivos do que o plantio comercial.

Expected gain in selection of *Pinus elliottii* var. *elliottii* for timber production at an early age

Abstract - *P. elliottii* var. *elliottii* is the second most planted fast growing tree species in Brazilian subtropics for wood and resin production. The objective of this work was to predict genetic values of fast growing individual trees. A trial was established in a randomized complete blocks design involving 76 treatments, 75 open pollinated progenies from a clonal seed orchard and a commercial progeny as control, in a 3 m x 3 m spacing. Total heights of all individuals were measured at 1, 2, and 3 years old and also stem diameter at 1.3 m height-dbh at 3 years old. Deviance analysis was performed by using Selegen-REML/BLUP software and genetic parameters were estimated. Significant variation was detected among progenies. Estimates of narrow-sense individual heritabilities were 0.25 and 0.42, respectively, for height and dbh. Some progenies grew faster than the control (commercial progeny) and the observed genetic variation was sufficiently high to encourage selection to obtain genetic gains in wood production.

Introdução

O Brasil é um dos maiores produtores de madeira do mundo. Quando comparado aos Estados Unidos, Canadá e China, o país apresenta um potencial produtivo elevado, devido a fatores como solo, condições climáticas, pesquisa e desenvolvimento, mão-de-obra qualificada e organização de mercado (Mendes & Couto, 2012).

As plantações florestais no Brasil iniciaram-se por volta de 1960 e, podem ser classificadas em dois períodos: i) de 1960 a 1970, caracterizavam-se pela política de incentivos fiscais aos plantios florestais, com desenvolvimento dos segmentos de bioenergia e da celulose e papel; ii) de 1980 até os dias atuais, com a consolidação do mercado florestal, configurando o cenário que se estende até o presente (Ferreira & Santos, 1997; Foelkel, 2007; Anuário..., 2011).

O aumento da produtividade e a expansão das áreas de florestas plantadas foram fatores fundamentais para a sustentação do mercado florestal. Isso se deve, principalmente, às tecnologias desenvolvidas nas áreas de melhoramento genético, manejo e silvicultura, bem como ao potencial produtivo de algumas espécies exóticas pertencentes aos gêneros *Pinus* e *Eucalyptus*. Dentre essas, a espécie *P. elliottii* var. *elliottii* é a segunda mais plantada no Sul e Sudeste do país. Isso devido às características favoráveis da sua madeira (fibra longa e permeabilidade), alta produtividade tanto em volume de madeira quanto em resina e sua adaptação a ambientes de baixa temperatura e/ou com alta ocorrência de geadas (Shimizu & Sebbenn, 2008).

A madeira de pínus é usada na construção civil, remanufaturados, molduras, produtos beneficiados e pré-acabados (portas, janelas e torneados), armários e gabinetes, semiacabados (cozinhas, tampos, etc.), móveis (domésticos, comerciais e jardim), *pallets*, *containers*, estruturas e casas pré-fabricadas (Associação Brasileira da Indústria de Madeira Processada Mecanicamente, 2007). Assim, observa-se que a madeira de pínus tem gerado produtos de alto valor agregado. Para atender ao cenário atual, tem-se investido, principalmente, no avanço em programas de melhoramento genético de pínus. Esses têm por objetivo obter populações melhoradas de alta produtividade que atendam aos diferentes nichos de mercado.

Um dos problemas enfrentados pelos melhoristas é o longo ciclo de seleção para espécies perenes (Pereira et al., 1997). Em espécies perenes de clima temperado,

esses ciclos variam de 25 a 30 anos, como é caso do *P. elliottii*. Assim, as principais opções para reduzir esse período são seleções precoce e ultra precoce (seleção no âmbito do genoma), que permitem identificar características de interesse comercial em árvores na idade juvenil ou até em plântulas. Por esses métodos, é possível prever o desempenho do indivíduo em idade adulta, o que reduz o ciclo de seleção (Gonçalves et al., 1998).

O sucesso da utilização da seleção precoce em essências florestais tem sido realçado em várias oportunidades, como em eucalipto (Pereira et al., 1997; Massaro et al., 2010; Beltrame et al., 2012), *Hevea brasiliensis* (Gonçalves et al., 1998) e em *Pinus elliottii* (Romanelli & Sebbenn, 2004). Assim a avaliação de testes de progênies de pínus em idade precoce (Paludzyszyn Filho et al., 2002), aliada à tecnologia da seleção no âmbito do genoma (Fonseca et al., 2010), têm sido validadas em programas de melhoramento florestal de forma a reduzir o ciclo de nove para dez anos. Esses aspectos têm contribuído para um aumento expressivo na porcentagem de ganho genético (Fonseca et al., 2010). Para avaliar a seleção precoce, têm sido estimadas correlações genéticas entre as idades precoces e de corte, entre os valores genéticos e valores genéticos genômicos, bem como predição da eficiência de ganhos esperados com a seleção aplicada em diferentes idades (Paludzyszyn Filho et al., 2002). Com base nessas informações, será possível definir o tempo necessário para aplicar a seleção sem comprometer a eficiência e finalidade do processo.

O presente trabalho teve como objetivo estimar os parâmetros genéticos e verificar a viabilidade da seleção de *P. elliottii* var. *elliottii*, a partir de caracteres de crescimento, aos três anos de idade, para compor povoamentos produtores de sementes.

Material e métodos

Material

As sementes utilizadas nesse estudo são procedentes de pomar clonal de *P. elliottii* implantado em Colombo, PR, em dezembro de 1979 (latitude 25° 17' 30" S e longitude 49° 13' 27" W), em altitude de 1.027 m. Esse pomar é composto por matrizes selecionadas em quatro povoamentos florestais nos Municípios de Capão Bonito, Itapetininga e Buri no Estado de São Paulo e Teixeira Soares no Estado do Paraná.

Em 2000, foram coletadas sementes de 75 clones, sendo sete procedentes de Buri, 29 de Campão Bonito, 33 de Itapetininga e seis de Teixeira Soares. As sementes foram armazenadas em câmara fria a -5 °C até setembro de 2008, quando uma parte de cada lote foi usada na instalação do teste de progênies. As mudas foram produzidas em um viveiro próximo ao local de plantio.

Em abril de 2009, o teste de progênies de *P. elliottii* foi implantado em Ribeirão Branco, SP, em latitude de 24° 13' 15" S e longitude 48° 45' 56" W, com uma altitude de 875 m. O local apresenta clima subtropical, com relevo acidentado e montanhoso.

Para implantação do teste foi utilizado o delineamento de blocos completos ao acaso, composto por 76 tratamentos (75 progênies de polinização livre e um controle), 40 blocos parcelas de uma planta, no espaçamento de 3 m x 3 m. Esse arranjo possibilita alta representatividade de progênies, reduzindo a probabilidade de cruzamentos entre indivíduos aparentados, mesmo com seleção individual dentro de progênies. Esse delineamento foi adotado para possibilitar a formação de um pomar de sementes por mudas após a avaliação e eliminação das progênies de baixo desempenho. Segundo Resende & Duarte (2007), o grande número de repetições contribui para obter melhores estimativas dos valores genéticos e, conseqüentemente, alta acurácia, uma vez que este parâmetro consiste, basicamente, na proporção entre a variação residual média e a genotípica, sendo que a variação residual média depende do número de repetições.

Coleta de dados

Em campo, foram avaliadas as características altura total e circunferência à altura do peito, em diferentes idades. As medições da altura total foram realizadas nos três primeiros anos após o plantio (2010, 2011 e 2012). A circunferência à altura do peito foi medida somente ao terceiro ano após o plantio. Com base nesses dados, foi calculado o diâmetro à altura do peito (DAP), o volume cilíndrico e o incremento médio anual, conforme as expressões:

$$a) DAP = \frac{CAP}{\pi}$$

DAP = diâmetro à altura do peito,

CAP = circunferência à altura do peito.

$$b) VOL = \frac{\pi(DAP)^2 \cdot FF}{40.000} \cdot ALT$$

VOL = volume

ALT = altura total

FF = fator de forma do fuste

$$c) IMA = \frac{Y_t}{t_0}$$

IMA = incremento médio anual

Y_t = dimensão da variável considerada

t_0 = idade a partir do tempo zero.

A altura total foi mensurada com uma régua graduada em 2 cm e a circunferência à altura do peito com uma fita métrica graduada em 0,5 cm.

Estimativa de componentes da variância e parâmetros genéticos

Os caracteres quantitativos foram analisados em modelo linear misto (modelo aditivo univariado), por meio do procedimento de melhor preditor linear não viciado REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada) do software genético-estatístico SELEGEN desenvolvido por Resende (2002). No modelo adotado foram considerados os seguintes efeitos: progênies de meios-irmãos, blocos completos ao acaso, uma planta por parcela, um só local e uma única população, sendo $y = Xr + Za + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de blocos (fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios); X e Z são as matrizes de incidência de r e a , respectivamente. Para utilizar o modelo proposto, foi preciso presumir que as progênies de polinização livre de *P. elliottii* var. *elliottii* são meios-irmãos. Assim, primeiramente, foi feita uma análise considerando-se todos os tratamentos, inclusive o controle. Na segunda etapa, procedeu-se à nova análise, excluindo-se o controle para estimar os parâmetros e prever os valores genéticos.

O teste de significância foi realizado pelo teste da razão de verossimilhança (LRT), que é obtido pela diferença entre as *deviances* para modelos sem e com o efeito a ser testado. Para o teste via LTR, deve-se usar o teste de qui-quadrado.

As equações do modelo misto para predição dos valores genéticos aditivos e estimação das médias de blocos são (Resende, 1999):

$$\begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + X^{-1}\lambda_1 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\hat{\sigma}_f^2}{\hat{\sigma}_a^2} = \frac{1 - \hat{h}_a^2}{\hat{h}_a^2};$$

$$\hat{\sigma}_r^2 = \hat{\sigma}_e^{2*} - (1 - \rho_a)\hat{\sigma}_a^2$$

ρ_a = correlação genética entre os indivíduos de progênes de meios-irmãos (= 1/4 para meios-irmãos);

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva.

$\hat{\sigma}_e^2$ = variância entre parcelas, estimada a partir do delineamento com uma planta por parcela.

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

As demais estimativas de variâncias e parâmetros genéticos processados pelo programa são os seguintes:

$$r_{aa} = \left[\frac{n}{n + \left(\frac{4 - h_a^2}{h_a^2} \right)} \right]^{1/2} = \text{acurácia da seleção de progênes;}$$

$$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2 = \text{variância fenotípica individual;}$$

$$\hat{h}_{mp}^2 = \frac{[1 + (n-1)\rho_a]h^2}{1 + (n-1)(\rho_a h^2)} = \text{herdabilidade da média de progênes, em que:}$$

n = número total de indivíduos por progênes;

$$CV_{gi} = \frac{100 \cdot \sqrt{\sigma_a^2}}{\hat{m}} = \text{coeficiente de variação genética entre indivíduos;}$$

$$CV_{gp} = \frac{100 \cdot \sqrt{1/4\sigma_a^2}}{\hat{m}} = \text{coeficiente de variação genética entre progênes;}$$

$$CV_e = \frac{100 \cdot \sqrt{QM_{res}}}{\hat{m}} = \text{coeficiente de variação experimental.}$$

Correlações fenotípicas e genéticas

As correlações fenotípicas e genéticas entre os caracteres foram estimadas para determinar a relação entre eles, assim como para estimar a influência da idade durante a aplicação da seleção precoce.

Tamanhos efetivos e ganhos esperados com a seleção

Com a finalidade de selecionar genótipos e progênes superiores para plantios comerciais e formar pomares de sementes, foram simuladas duas estratégias de seleção a partir da classificação de valores genéticos aditivos individuais. Para isso, empregaram-se os parâmetros genéticos para altura, DAP e volume, estimando-se o ganho genético mediante a seleção. Desta forma, o ganho genético em porcentagem foi estimado pela expressão: Gs (%) = (média dos valores genéticos aditivos dos indivíduos selecionados/m) x 100, em que m corresponde à média geral do experimento para determinado caráter.

Para nortear a estratégia de seleção adotada, visando evitar a perda excessiva de variabilidade genética após a aplicação as estratégias de seleção propostas, foram estimados os tamanhos efetivos populacionais. Para verificar a eficiência da seleção em diferentes idades juvenis, propôs-se a mesma intensidade de seleção, tendo como base o caráter altura nos três anos após o plantio e o DAP e o volume no terceiro ano.

Repetibilidade

Para estimar o coeficiente de repetibilidade individual (r), foi utilizado o modelo: $y = Xm + Za + Ts + e$, onde y é o vetor de dados, m é o efeito das combinações mensuração-repetição (efeito fixo) acrescido da média geral, a é o vetor de efeitos genéticos aditivos individuais (efeito aleatório), s é o vetor de efeitos permanentes (efeito aleatório) e e é o vetor de erros ou resíduo (efeito aleatório). Letras maiúsculas representam as matrizes de incidência dos referidos efeitos.

Nessa análise foram estimados os seguintes parâmetros: herdabilidade individual no sentido amplo (genotípicos totais) (\hat{h}_g^2); coeficiente de determinação do efeito permanente (C_p^2); coeficiente de determinação do efeito bloco (C_b^2); coeficiente de repetibilidade individual (r); e o coeficiente de determinação genotípico (R^2).

O número de medições (η) para se predizer o valor real dos indivíduos e o R^2 foram estimados pelas expressões:

$$\eta = R^2(1-r) / (1-R^2)r$$

$$R^2 = \eta r / 1 + r(\eta - 1)$$

Diversidade genética

A diversidade genética entre as progênies foi estimada pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2). Essa metodologia é indicada para análise de dados quantitativos, por considerar o desvio padrão e uma escala invariante. Deste modo, D^2 é estimada pela expressão (Cruz & Carneiro, 2003):

$$D_i^2 = \delta' \psi^{-1} \delta$$

Em que: D_i^2 = distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ; $\delta' = [d_1, d_2, \dots, d_v]$, sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{ij'}$; ψ = matriz de variâncias e covariâncias residuais; Y_{ij} = média do i -ésimo genótipo em relação à i -ésima variável.

Após a obtenção de D^2 , foi aplicado o método de otimização de Tocher, com o objetivo de reconhecer grupos de progênies homogêneas. Esse método adota como critério que a média dos valores de D^2 (intracluster) deve ser menor que os valores de D^2 (inter-cluster) (Cruz & Regazzi, 2001).

Resultados e discussão

Análise de deviance e de parâmetros genéticos

O efeito de progênies na análise de deviance foi significativo para todos os caracteres, o que indica diferenças significativas a serem exploradas no melhoramento da população de *P. elliottii* (Tabela 1).

O incremento médio anual em altura nos três primeiros anos após o plantio, bem como a média geral desse caráter e do DAP (Tabela 1) indicou um bom

índice de crescimento da espécie quando comparado a outras espécies de pinus, principalmente com *P. taeda* (Trianoski, 2012).

O coeficiente de variação genético entre as progênies (CV_{sp}) foi médio para os caracteres avaliados (3,27% e 9,2%, para DAP e volume, respectivamente), enquanto que o coeficiente de variação individual (CV_{gi}) foi de 6,55% e 18,4% em DAP e volume, respectivamente. A variação genética entre indivíduos foi maior que a variação genética entre progênies, para DAP e volume (Tabela 1). Isso é importante, pois, quanto maior o coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi}), maior será a facilidade de encontrar indivíduos superiores que irão proporcionar ganhos significativos mediante a seleção. A possibilidade de identificar indivíduos superiores para produção de madeira poderá viabilizar a formação de pomar clonal sem o comprometimento de ganhos futuros.

A acurácia representa a relação entre o valor genético verdadeiro e o predito. Quanto maior o seu valor, maior a precisão da seleção e do ganho genético obtido. Estimativas desses parâmetros variaram de 0,28 a 0,40 para DAP e IMA em altura, respectivamente (Tabela 1). Segundo Resende et al. (1995) são consideradas baixas as acurácias entre 0,1 e 0,4; medianas de 0,4 a 0,7; e altas as maiores que 0,7. Assim, para altura no terceiro ano após o plantio e o IMA em altura as acurácias podem ser consideradas medianas, indicando que a seleção aplicada nesses caracteres proporcionará altas probabilidade de se obter indivíduos mais produtivos, devido ao aumento da precisão e ao método de seleção.

Tabela 1. Estimativa de parâmetros genéticos para caracteres silviculturais do teste de progênies de *Pinus elliottii*, em Ribeirão Branco, São Paulo.

Caracteres	\hat{m}	CV_e (%)	$r_{\hat{a}a}$	\hat{h}_a^2	\hat{h}_m^2 dentro	\hat{h}_m^2	CV_{gi} (%)	CV_{sp} (%)	LRT
ALT 1	1,12	14,20	0,89	0,34 ($\pm 0,061$)	0,28	0,79	8,70	4,35	144,97**
ALT 2	2,55	13,50	0,90	0,38 ($\pm 0,064$)	0,31	0,81	8,69	4,34	164,86**
ALT 3	4,24	10,92	0,91	0,42 ($\pm 0,068$)	0,36	0,83	7,52	3,76	194,76**
DAP 3	8,05	12,50	0,86	0,25 ($\pm 0,053$)	0,21	0,73	6,57	3,28	655,62**
VOL 3	0,01	31,09	0,88	0,32 ($\pm 0,059$)	0,26	0,78	18,40	9,20	65,46**
IMA	1,41	10,93	0,91	0,42 ($\pm 0,068$)	0,36	0,83	7,53	3,77	194,93**

ALT1, ALT2 e ALT3 = altura das plantas no primeiro, segundo e terceiro anos após o plantio; DAP3 = diâmetro à altura do peito no terceiro ano após o plantio; VOL3 = volume no terceiro ano após o plantio; IMA = incremento médio anual em altura; \hat{h}_a^2 = herdabilidade individual dos efeitos aditivos; \hat{h}_m^2 = herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa; CV_{gi} = coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_{sp} = coeficiente de variação genotípica entre progênies; CV_e = coeficiente de variação experimental; \hat{m} = média geral; $r_{\hat{a}a}$ = acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa; teste LRT (teste da razão de verossimilhança)** significativo a 1% (qui-quadrado, 6,63).

As herdabilidades em nível de média de progênies foram maiores que as herdabilidades no sentido restrito em nível de indivíduos, para todos os caracteres considerados (Tabela 1). Valores de herdabilidades de 0,01 a 0,15 são considerados baixos; de 0,15 a 0,50 medianos; e acima de 0,50 altos (Resende et al., 1995). Os resultados desse estudo indicam que o controle genético dos caracteres é alto em nível de médias de progênies e mediano em nível individual. Portanto, os resultados sugerem baixa influência do ambiente na variação fenotípica. Esse aspecto é importante na predição do ganho genético mediante seleção.

Em vários testes de progênies de espécies de pinus, têm sido estimados coeficientes de herdabilidade em nível de média de progênies para os caracteres de crescimento e volume, como em *P. patula*, aos 8 anos de idade (Leonardez Neto, 1998), *P. caribaea* var. *bahamensis*, aos 25 anos (Sebbenn et al., 2008), *P. maximinoi*, aos 11 anos (Ettori et al., 2004) e em *P. caribaea* var. *bahamensis*, aos quatro anos (Romanelli & Sebbenn, 2004). Esses estudos revelaram valores menores ao do presente trabalho em DAP e volume. Porém, vale considerar que a magnitude desse parâmetro, assim como os dos coeficientes de variação genética, não são atributos somente dos caracteres, pois dependem do grau de segregação na população, das condições do ambiente em que as plantas são avaliadas, do delineamento utilizado, dentre outros fatores (Vencovsky & Barriga, 1992).

A seleção baseada em médias de progênies tem um nível de precisão maior do que em plantas individuais, visto que os parâmetros em nível de progênies (acurácia e herdabilidade em nível de média de progênies) são maiores. Além disso,

nas análises baseadas em médias, ao invés de indivíduos, a influência dos erros experimentais torna-se menor (Vencovsky & Barriga, 1992). Porém, verifica-se que os parâmetros genéticos individuais apresentam valores medianos e, portanto, esse método de seleção também deve ser considerado, visto que o alvo da seleção são também os clones. A seleção individual indireta em *P. radiata* também foi mais eficiente que a seleção indireta em progênie para caracteres precoces de crescimento com alta herdabilidade (Cotterill & Dean, 1987).

Correlações fenotípicas e genéticas

O coeficiente de correlação genética mede o grau de associação genética entre dois caracteres quantitativos em uma determinada população (Williams & Matheson, 1995). As correlações genéticas entre os caracteres neste estudo foram altas, positivas e superiores às fenotípicas (Tabela 2). A existência de correlação genética entre dois caracteres geralmente esta relacionada ao efeito de pleiotropismo, que ocorre quando um gene afeta dois ou mais caracteres (Falconer, 1981). Outra causa de correlação entre os caracteres é o desequilíbrio de ligação gênica, observado com mais frequência em populações procedentes de cruzamentos divergentes, o qual pode ser maior quanto mais próximos estiverem os genes no cromossomo, porém é transitória (Falconer, 1981).

Segundo Vencovsky (1978), quando ocorrem correlações genéticas e fenotípicas positivas e de alta magnitude entre dois caracteres, as mesmas podem ser consideradas como uma única na seleção, sem grande prejuízo para qualquer dos caracteres e a seleção em uma não deve afetar a outra. Isso indica a possibilidade de aplicação da seleção direta em um caráter sem comprometer, significativamente o ganho em outros.

Tabela 2. Estimativas das correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre os caracteres silviculturais em progênies de *Pinus elliottii* em Ribeirão Branco, SP.

Caracteres	Caracteres				
	Altura 1 (m)	Altura 2 (m)	Altura 3 (m)	DAP 3 (cm)	Volume 3 (m ³ /árv.)
Altura 1 (m)	-	0,84 (0,0001) ¹	0,74 (0,0001)	0,67 (0,0001)	0,71 (0,0001)
Altura 2 (m)	0,68 (0,0001)	-	0,94 (0,0001)	0,73 (0,0001)	0,83 (0,0001)
Altura 3 (m)	0,60 (0,0001)	0,85 (0,0001)	-	0,78 (0,0001)	0,89 (0,0001)
DAP 3 (cm)	0,58 (0,0001)	0,73 (0,0001)	0,78 (0,0001)	-	0,96 (0,0001)
Volume 3 (m ³ /árv.)	0,65 (0,0001)	0,78 (0,0001)	0,81 (0,0001)	0,93 (0,0001)	-

Altura 1, Altura 2 e Altura 3 = altura de plantas no primeiro, segundo e terceiro ano após o plantio, respectivamente; DAP 3 = diâmetro à altura do peito no terceiro ano após o plantio; Volume 3 = volume no terceiro ano após o plantio; ¹ = p-valor.

Como o diâmetro é mais fácil de ser medido e gera menos erros de medição do que outros caracteres sugere-se seu uso como referência nas aplicações dos métodos de seleção e cômputo do ganho genético esperado. Ao aplicar a seleção para maior diâmetro, espera-se uma resposta correlacionada em altura e, conseqüentemente, em volume. Isso é vantajoso, uma vez que o sentido da seleção é o mesmo em todos esses caracteres. Em consonância com os resultados obtidos no presente estudo, correlações genéticas altas e positivas entre caracteres de crescimento foram constatadas para várias espécies de pinus (Leonardcz Neto, 1998; Sampaio et al., 2000; Moraes, 2001; Paludzyszyn Filho et al., 2002; Etori et al., 2004; Missio et al., 2004; Silva, 2005).

Geralmente, correlações genéticas positivas são esperadas entre os caracteres de crescimento (diâmetro e altura) em espécies de pinus, mas estes devem ser mensurados em cada população, para certificação da eficiência da seleção (Rossmann, 2001). Correlações lineares significativas para caracteres de crescimento em diferentes idades (juvenil e adulta) para *P. contorta* foram relatadas por Xie & Yang (1996). Segundo os autores, quando a população a ser melhorada apresenta herdabilidades altas, correlações genéticas positivas entre caracteres em diferentes idades e maturidade sexual precoce, a mesma apresenta potencial para seleção em idades precoces.

4.3. Ganhos genéticos e repetibilidade

O progresso esperado na seleção para caráter altura foi superior no primeiro ano do que no terceiro ano após o plantio. Esses valores variaram de 8,72% a 29,68% em DAP e volume, respectivamente, com a aplicação da seleção individual mais intensa (3,33%), visando à formação de um pomar clonal e produção de híbridos, enquanto que, para a formação de um pomar de sementes por mudas variou de 2,89% e 8,89% nesses caracteres (Tabela 3).

As estimativas de ganhos genéticos foram expressivas, confirmando os altos coeficientes de herdabilidade (Tabela 3). Considerando que na seleção recorrente intrapopulacional a proposta é de aumentar, gradativamente, a frequência dos alelos desejáveis, por meio de repetidos ciclos de seleção e recombinação (Hallauer, 1992), recomenda-se uma seleção branda como estratégia inicial de seleção para formação de pomares de sementes por mudas, principalmente se a seleção for aplicada precocemente.

Tabela 3. Progresso esperado mediante (G_s) a seleção individual de 100⁽¹⁾ e 1500⁽²⁾ indivíduos e tamanho efetivo populacional (N_e) para a altura, DAP e volume em progênies de *P. elliottii* em Ribeirão Branco, SP.

Parâmetros	ALT 1	ALT 2	ALT 3	DAP 3	VOL 3
G_s (%) ¹	11,96	11,80	10,51	8,72	29,64
N_e ¹	40,01	38,48	34,18	21,97	28,69
G_s (%) ²	4,43	4,58	3,98	2,90	8,89
N_e ²	199,74	200,13	204,49	193,56	200,71

ALT1, ALT2 e ALT3 = altura de plantas no primeiro, segundo e terceiro ano após o plantio, respectivamente; DAP3 = diâmetro à altura do peito no terceiro ano após o plantio; VOL3 = volume no terceiro ano após o plantio.

A eficiência da seleção em idade precoces em pinus também foi confirmada em outras espécies. Lambeth et al. (1983) verificaram que a seleção aos cinco anos foi tão eficiente quanto aos 20 anos para os caracteres de crescimento em *P. taeda*, principalmente para altura, que foi usada para prever o volume final.

Para se obter os progressos esperados mediante seleção na população de *P. elliottii* em estudo, árvores matrizes superiores podem ser selecionadas para formarem como genitoras um pomar de sementes por mudas. Com base nas estimativas de ganhos genéticos, considerando os valores genéticos e a seleção de um só parental, há grande probabilidade de êxito no melhoramento genético com a implantação de um pomar de sementes clonal.

Para a maioria dos caracteres avaliados, o controle (*P. elliottii*) apresentou média e ganho genético superior a maioria dos indivíduos e progênies, o que indica que esse material pode ser usado em plantios comerciais e formação de novos pomares de sementes.

A manutenção da variabilidade genética em cada ciclo de seleção é importante para que progressos genéticos em ciclos subsequentes não fiquem comprometidos. Sugere-se manter um tamanho efetivo (N_e) em torno de 50, para minimizar, assim, a probabilidade de alelos favoráveis ao longo dos ciclos de seleção (Resende & Bertolucci, 1995; Resende, 1999). Com base nas estimativas do tamanho efetivo populacional para duas intensidades de seleção, verifica-se a possibilidade de se aplicar intensidades de seleção expressivas, sem comprometer o potencial de ganhos genéticos futuros com a formação de um pomar de sementes por mudas (Tabela 3).

Em espécies perenes, espera-se que a superioridade genética de um determinado genótipo referente a um determinado caráter de produção persista por todo o ciclo produtivo.

A consistência dos valores em sucessivas medições para um determinado caráter é medida pela estimativa da repetibilidade. No presente trabalho, a repetibilidade da medição em altura foi média. Isto indica que é possível obter o fenótipo (altura) preciso de um indivíduo com um número mínimo de avaliações para inferir valores genéticos e propor estratégias de seleção. Portanto, com três medições de altura é possível selecionar indivíduos com 82% de certeza de predição do seu valor real (Tabela 4). Considerando que o coeficiente de determinação genotípico (R^2) foi igual ou maior que 95%, serão necessárias em torno de 12 medidas para se estimar o real valor genético e/ou o ganho genético de todos os indivíduos. Porém, considerando o alto valor do coeficiente de determinação (acima de 82%) obtido com três medições para estratégias de seleção em curto prazo, o número de medições de altura pode ser reduzido, visando à economia de mão-de-obra.

Tabela 4. Análise de repetibilidade em altura em progênies de *P. elliottii* em Ribeirão Branco, SP.

Variável	\hat{h}_g^2	r	C_b^2	C_p^2	R^2
Altura	0,08 ($\pm 0,0085$)	0,61 ($\pm 0,0234$)	0,02	0,51	0,82

\hat{h}_g^2 = herdabilidade individual no sentido amplo (genotípicos totais); C_p^2 = coeficiente de determinação do efeito permanente; C_b^2 = coeficiente de determinação do efeito bloco; r = coeficiente de repetibilidade individual; R^2 = coeficiente de determinação genotípico (R^2)

Segundo Resende et al. (1995) a eficiência dos programas de melhoramento genético deve ser medida pelo ganho genético por unidade de tempo e a acurácia seletiva. Raymond (1997), por sua vez, enfatizou a necessidade de se conhecer a idade mínima que os caracteres de importância econômica podem ser avaliados com precisão. Portanto, para estratégias em longo prazo, sugere-se continuar as avaliações em diferentes idades até a idade de corte, para definir, com maior precisão, a idade mínima para a seleção.

4.4. Diversidade genética entre progênies

As medidas de dissimilaridade entre os pares de progênies de *P. elliottii*, estimadas pela D^2 gera a maior e a menor distância de uma progênie em relação às demais (Tabela 5). Assim, como exemplo, a progênie I48 apresenta a maior distância em relação à progênie IR31 e a menor em relação à progênie C266 (Tabela 5). A distância máxima foi observada entre as progênies controle e IR31, e a mínima entre as progênies I07 e I18.

O método de otimização de Tocher aplicado a neste teste, possibilitou a separação das progênies em nove

grupos (Tabela 6). Aproximadamente 82 % das progênies formaram o grupo I.

Para programas de hibridação, recomenda-se o cruzamento entre progênies de grupos mais divergentes possíveis. Assim, o ideal é que sejam conduzidos cruzamentos entre as progênies controle e IR31, além de cruzamentos entre os indivíduos mais produtivos das progênies C53, C109, C54, I85 e I144, devido à expressão diferenciada e por formarem grupos isolados das demais progênies nos caracteres silviculturais. Contudo, para utilização no processo de hibridação, é necessário, além da divergência genética, que as progênies apresentem um alto potencial produtivo. Se os indivíduos apresentarem esses requisitos, espera-se obter genótipos superiores com capacidade específica de combinação devido à ocorrência de heterose e à ação de genes complementares (Falconer & Mackay, 1996; Carvalho et al., 2001). Isso caracteriza a segregação transgressiva, que indica a possibilidade de obtenção de novos genótipos com elevada produtividade e superiores à média de melhor genitor.

Conclusões

O teste de progênies de *P. elliottii* apresentou níveis de variação genética significativos entre progênies para os caracteres de crescimento e volume. A maior parte da variação encontra-se em nível de progênies, indicando que a seleção entre progênies deve ser considerada.

A seleção individual em intensidade moderada pode gerar ganhos, além de garantir a retenção de uma ampla variação genética em ciclos subsequentes de melhoramento para a formação de pomar de sementes por mudas.

A correlação alta e positiva entre os caracteres de crescimento e a repetibilidade, em várias idades, indicam a possibilidade de se selecionar indivíduos com 82% de certeza de predição do seu valor real e confirmaram a eficiência da aplicação da seleção precoce aos três anos de idade.

Em vista dos progressos esperados, o teste de progênies pode ser convertido em um pomar de sementes por mudas, mediante desbaste seletivo para manter somente as árvores mais produtivas para se cruzarem entre si. Ganhos mais promissores poderão ser obtidos com a aplicação da seleção visando à formação de um pomar clonal, principalmente se essa for aplicada em idades precoces.

Tabela 5. Distâncias generalizadas de Mahalanobis entre as progênies de *P. elliottii* avaliadas em Ribeirão Branco, SP.

D² de Mahalanobis									
Distâncias					Distâncias				
Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.	Prog.	Maior	Prog.	Menor	Prog.
I148	54,04	IR31	0,66	C266	I123	29,40	I57	0,42	B18
C101	36,10	C109	0,37	I123	IR09	21,96	C281	0,33	C59
C289	49,98	Controle	0,35	I78	I57	49,37	C281	3,06	B9
C127	34,91	IR31	0,05	I42	C283	20,76	C281	0,21	C59
C274	48,02	C109	1,29	C275	I62	14,71	C281	0,42	I40
B4	80,75	IR31	0,29	C120	B18	11,31	C54	0,39	I42
B19	65,19	IR31	0,84	C53	B9	30,92	C281	0,20	C120
I63	64,10	IR31	0,12	IR09	I40	15,98	C281	0,33	I74
C59	32,76	IR31	0,21	I117	C266	17,30	C281	0,62	C59
C287	50,04	IR31	0,27	IR12	C112	12,17	C54	0,20	C133
I127	50,43	C109	1,31	I73	I73	17,57	C120	0,40	C49
I125	39,66	IR31	0,133	I96	C276	16,06	I07	0,50	I158
IR05	29,89	Controle	0,19	C60	C133	12,25	C54	0,37	I100
Controle	114,43	IR31	0,56	I57	C54	31,30	C281	1,42	I83
IR12	46,09	IR31	0,31	C267	I78	27,46	I07	0,42	275
I86	111,65	IR31	1,84	I57	C123	28,31	C281	0,06	C120
I144	81,25	C109	1,13	C282	C120	29,46	C281	0,63	I84
B11	42,95	IR31	0,47	I96	C53	20,52	C281	0,68	C135
I41	32,15	C109	0,36	C276	I83	22,77	C281	0,32	I74
C114	33,87	IR31	0,05	C112	C265	8,88	C281	0,36	C149
B2	56,94	IR31	0,29	C283	C267	12,28	C281	0,43	I45
I133	37,69	IR31	0,22	I45	C149	10,17	I07	0,47	I42
I108	39,78	C109	0,33	I123	C59	21,40	C281	0,60	I74
I96	42,36	IR31	0,26	I45	IR07	27,97	C275	0,94	I84
IR02	39,63	IR31	0,38	I45	I158	21,21	I07	0,32	C49
I56	36,73	IR31	0,24	C275	I45	9,18	C281	0,50	I42
C125	54,06	IR31	0,26	I40	C135	18,26	C281	0,92	I74
C151	30,73	C109	0,21	I100	I84	27,28	C281	0,12	I07
I117	33,66	IR31	0,11	I42	I30	17,00	C281	0,86	I74
IR31	112,18	C109	2,96	C282	I07	29,31	C281	0,03	I18
B5	29,71	C109	1,07	C265	C281	28,80	I18	2,48	C49
I85	72,72	C109	3,22	I78	I18	23,67	C275	1,33	I74
I119	26,61	C282	0,26	I62	I74	14,76	C275	3,81	I42
I91	22,84	C282	0,66	C112	I42	4,88	C275	1,50	I100
C60	25,24	C109	0,73	C133	C275	3,24	I100	1,68	C49
C109	81,40	C282	2,29	I57	I100	0,47	C49		
I134	23,84	I57	0,37	B18					
C282	76,25	I57	3,67	C281					
I16	33,86	C281	0,46	B9					
Máximo: 114,34					Progênies: controle e IR31				
Mínimo: 0,03					Progênies: I07 e I18				

Tabela 6. Grupos formados pelo método de otimização de Tocher de progênies de *P. elliottii* Ribeirão Branco, SP.

Grupo	Progênies	Total
I	I148 C101 C289 C127 B4 B19 I63 C290 C287 I125 IR05 IR12 I86 B11 I41 C114 B2 I133 I108 I96 I56 C125 C151 I117 B5 I119 I91 C60 I134 I123 IR09 I57 C283 I62 B18 B9 I40 C266 C112 I73 C276 C133 I78 C123 C120 I83 C265 C267 C59 I158 I45 C135 I84 I30 I07 C281 I18 I74 I42 C275 I100 C49	62
II	C274 IR02 C149 IR07	4
III	I127 IR31 C282	3
IV	controle I16	2
V	C53	1
VI	C109	1
VII	C54	1
VIII	I85	1
IX	I144	1
Total		76

Agradecimentos

Aos técnicos e assistentes da Embrapa Florestas, pelo apoio na coleta de dados, aos pesquisadores e técnicos do Instituto Florestal de São Paulo, pelo apoio na coleta de propágulos e enxertia de pínus realizada em 1978, e à Empresa Pinara, pelo apoio na implantação, manutenção e avaliação do teste de progênies e pela contribuição financeira em outras atividades de pesquisa.

Agradecemos à CAPES pela concessão da bolsa de mestrado à Juliana Prado Moreira.

Referências

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DA INDÚSTRIA DE MADEIRA PROCESSADA MECANICAMENTE. **Estudo setorial 2007**: ano base 2006. Curitiba, 2007. 40 p. Disponível em: <<http://www.abimci.com.br/wp-content/uploads/2014/02/2007.pdf>>. Acesso em: 15 jan. 2013.

ANUÁRIO estatístico da ABRAF 2012: ano base 2011. Brasília, DF, 2012. 150 p. Disponível em: <www.abraflor.org.br/estatisticas.asp>. Acesso em: 17 out. 2012.

CARVALHO, F. I. F.; SILVA, S. A.; KUREK, A. J.; MARCHIORO, V. S. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: Ed da UFPel, 2001. 99 p.

COTTERILL, P. P.; DEAN, C. A. Changes in the Genetic Control of Growth of radiate pine to 16 years and efficiencies of early selection. *Silvae Genetica*, Frankfurt, v. 37, p. 138-146, 1988.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 2003. v. 2. 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: Ed da UFV, 2001. 390 p.

ETTORI, L. C.; SATO, A. S.; SHIMIZU, J. Y. Variação genética em procedências e progênies mexicanas de *Pinus maximinoi*. *Revista do Instituto Florestal*, São Paulo, v. 16, n. 1, p. 1-9, 2004.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 1981. 279 p.

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

FERREIRA, M.; SANTOS, P. E. T. dos. Melhoramento genético florestal dos Eucalyptus no Brasil: breve histórico e perspectivas. In: IUFRO CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT EUCALYPTS=CONFERÊNCIA IUFRO SOBRE SILVICULTURA E MELHORAMENTO DE EUCALIPTOS, 1997, Salvador. **Proceedings...=Anais...** Colombo: EMBRAPA-CNPQ, 1997. v. 1. p. 14-34.

FOELKEL, C. As plantações de florestas no Brasil. In: BORÉM, A. (Ed.). **Biociologia florestal**. Viçosa, MG: Suprema, 2007. p. 13-24.

FONSECA, S. M.; RESENDE, M. D. V.; ALFENAS, A. C.; GUIMARÃES, L. M. S.; ASSIS, T. F.; GRATTAPAGLIA, D. **Manual prático de melhoramento genético do eucalipto**. Viçosa, MG: Ed da UFV, 2010. 200 p.

GONÇALVES, P. S.; BORTOLETTO, N.; FONSECA, F.; BATAGLIA, O. C.; ORTOLANI, A. A. Early selection for growth vigor in rubber tree genotypes in northwestern São Paulo state (Brazil). *Genetics and Molecular Biology*, Ribeirão Preto, v. 21, p. 620-630, 1998.

HALLAUER, A. R. Recurrent selection in maize. *Plant Breeding Reviews*, Westport, v. 9, p. 79-115, 1992.

LAMBETH, C. C.; VAN BUIJTENEN, J. P.; DUKE, S. D.; MCCULLOUGH, R. B. Early selection is effective in 20-year-old Genetic Tests of Loblolly pine. *Silvae Genetica*, Frankfurt, v. 32, p. 210-215, 1983.

LEONARDECZ NETO, E. **Variação genética e métodos de seleção em progênies sul-africanas de *Pinus patula* (Schiede & Deppe)**. 1998. 71 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

MENDES, A. C. A.; COUTO, G. H. A. Análise estrutural da cadeia produtiva do setor florestal brasileiro. In: CONGRESSO UFV DE ADMINISTRAÇÃO E CONTABILIDADE, 5, MOSTRA CIENTÍFICA, 2, 2012, Viçosa, MG. **Os desafios do cenário econômico e internacional para a contabilidade, a gestão pública e as organizações**. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 2012. Disponível em: <<http://www.dad.ufv.br/congressodad/anais/201266.pdf>>. Acesso em: 11 jan. 2012.

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

- MORAES, M. L. T. **Variação genética e aplicação da análise multivariada em progênies de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* Barret e Golfari.** 2001. 124 f. Tese (Livre Docência) – Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira.
- PALUDZYSZYN FILHO, E.; FERNANDES, J. S. C.; RESENDE, M. D. V. Avaliação e seleção precoce para crescimento de *Pinus taeda*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 37, n. 12, p. 1719-1726, 2002.
- PEREIRA, A. B.; MARQUES JUNIOR, O. G.; RAMALHO, M. A. P.; ALTHOFF, P. Eficiência da seleção precoce em famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus camaldulensis* Dehn., avaliadas na região noroeste do estado de Minas Gerais. **Cerne**, Lavras, v. 3, n. 1, p. 67-81, 1997.
- RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J.; SAMPAIO, P. T. B.; WIECHETECK, M. S. S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Floresta**, Curitiba, v. 25, n. 1/2, p. 3-16, 1995.
- RESENDE, M. D. V.; BERTOLUCCI, F. L. G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE, 1995, Hobart, Austrália. **Eucalyptus plantations: improving fibre yield and quality...** Tasmania: Cooperative Research Centre for Temperate Hardwood Forestry, [1995]. p. 167-170.
- RESENDE, M. D. V. Melhoramento de essências florestais. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV, 1999. p. 589–648.
- RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 67 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 77).
- ROMANELLI, R. C.; SEBBENN, A. M. Parâmetros genéticos e ganhos na seleção para produção de resina em *Pinus elliottii* var. *elliottii*, no Sul do Estado de São Paulo. **Instituto Florestal**, São Paulo, v. 16, n. 1, p.12-23, 2004.
- ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. 91 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- SAMPAIO, P. T. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 35, n. 11, p. 2243-2253, 2000.
- SEBBENN, A. M.; BÔAS, O. V.; MAX, J. C. M. Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento em teste de progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis* aos 20 anos de idade em Assis/SP. **Instituto Florestal**, São Paulo, v. 20, n. 2, p. 103-115, 2008.
- SHIMIZU, J. Y.; SEBBENN, A. M. Espécies de pinus na silvicultura brasileira. In: SHIMIZU, J. Y. **Silvicultura de pinus**. Colombo: Embrapa Florestas, 2008. 65 p.
- SILVA, J. M. **Análises genéticas em progênies de *Pinus caribaea* morelet var. *Caribaea* por caracteres quantitativos e marcadores moleculares**. 2005. 129 f. Dissertação (Mestrado em Sistema de Produção) - Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira.
- TRIANOSKI, R. **Avaliação da qualidade da madeira de espécies de pinus tropicais por meio de métodos convencionais e não destrutivos**. 2012. 554 f. Tese (Doutorado em Engenharia Florestal) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba.
- VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Coord.). **Melhoramento do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978. p. 122-201.
- VENCOSVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.
- XIE, C. Y.; YING C. C. Heritabilities, age-age correlations, and early selection in lodgepole pine (*Pinus contorta* ssp. *Latifolia*). **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 45, p. 2–3, 1996.
- WILLIAMS, E. R.; MATHESON, A. C. **Experimental design and analysis for use in tree improvement**. Melbourne: CSIRO, 1995. 174 p.

