



## VARIAÇÃO GENÉTICA EM TESTE DE PROCEDÊNCIAS E PROGÊNIES DE *Pinus tecunumanii*

MAXIMILIANO KAWAHATA PAGLIARINI<sup>1</sup>; ANANDA VIRGINIA DE AGUIAR<sup>2</sup>; JARBAS YUKIO SHIMIZU<sup>3</sup>; ENES FURLANI JUNIOR<sup>4</sup>; ANTONIO ORLANDO NETO<sup>5</sup>;

1.UNESP/ILHA SOLTEIRA, ILHA SOLTEIRA, SP, BRASIL; 2.EMBRAPA FLORESTA, COLOMBO, PR, BRASIL; 3.JSHIMIZU CONSULTORIA, CURITIBA, PR, BRASIL; maxpagliarini@hotmail.com

**Resumo:** O presente trabalho tem como objetivos prever os valores genéticos para identificar indivíduos superiores de *P. tecunumanii* para o estabelecimento de pomares de sementes por mudas e clonal. O ensaio foi instalado em setembro de 1988, em Itapetininga, SP, seguindo-se o delineamento de blocos ao acaso, com arranjo de progênies compactadas, com 53 tratamentos (51 progênies e duas testemunhas), 9 repetições e seis plantas por parcela. O espaçamento utilizado foi 3 m x 3 m. A testemunha utilizada foi *P. oocarpa* de duas procedências diferentes. O teste de progênie foi avaliado aos 12,5 anos após o plantio. Os caracteres avaliados foram altura total, diâmetro do tronco à altura de 1,3 m (DAP) e volume de madeira. Foram realizadas análises de *deviance* para determinar a variação genética entre procedências e progênies para todos os caracteres avaliados. As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidos pelo método Reml/Blup (máxima verossimilhança restrita – melhor previsão linear não viciada), a partir de dados desbalanceados, empregando-se o software genético-estatístico Selegen-REML/BLUP. As progênies de *P. tecunumanii* apresentam bom desempenho em altura e diâmetro em Itapetininga, SP. A variabilidade genética para os caracteres estudados foi média, sendo que maior parte da variabilidade foi encontrada em nível de progênies.

**Palavras-chave:** Valores genéticos, variabilidade genética, herdabilidade.

### Introdução

O pinus foi introduzido no Brasil há mais de um século, mas somente a partir da década de 1960 iniciou-se o plantio em escala comercial, principalmente nas regiões Sul e Sudeste do país (AGUIAR et al., 2011). Esse gênero engloba mais de 100 espécies com grande potencial a ser explorado (MIROV, 1967), sendo o *Pinus tecunumanii* juntamente com *P. caribaea* var. *hondurensis* e *P. oocarpa* as espécies tropicais mais adaptadas às condições edafoclimáticas brasileiras (SHIMIZU, 2008; MOURA & VALE, 2002).

O *P. tecunumanii* apresenta boa forma do fuste, madeira densa (acima de 0,40 g cm<sup>-3</sup>) e de alta qualidade, baixa incidência de rabo-de-raposa (“fox-tail”), suscetibilidade à quebra de fuste pelo vento em alguns sítios, baixa tolerância à falta de água (lençol freático raso) e baixa produção de sementes, exceto em alguns locais específicos (SHIMIZU e SEBBEN, 2008).



O presente trabalho tem como objetivos prever os valores genéticos para identificar indivíduos superiores de *P. tecunumanii* para o estabelecimento de pomares de sementes por mudas e clonal.

### Material e Métodos

As plantas avaliadas neste trabalho são partes de uma coleção de germoplasma instalada em Itapetininga, SP, a partir de sementes coletadas em diferentes regiões do México. Com essas sementes, foram implantados ensaios de procedência/progênie. Um dos ensaios foi instalado em setembro de 1988, em Itapetininga, SP, seguindo-se o delineamento de blocos ao acaso, com arranjo de progênies compactadas, com 53 tratamentos (51 progênies e duas testemunhas), 9 repetições e seis plantas por parcela. O espaçamento utilizado foi 3 m x 3 m. A testemunha utilizada foi *P. oocarpa* de duas procedências diferentes. Itapetininga está localizada a 23°35'30"S e a 48°03'11"W, estando a uma altitude de 656 m, com precipitação média de 1.310 mm, temperatura média anual de 20,6 °C.

O teste de progênie foi avaliado aos 12,5 anos após o plantio. Os caracteres avaliados foram altura total (HT), diâmetro do tronco à altura de 1,3 m (DAP) e volume de madeira. Foram realizadas análises de *deviance* para determinar a variação genética entre procedências e progênies para todos os caracteres avaliados. As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidos pelo método Reml/Blup (máxima verossimilhança restrita – melhor predição linear não viciada), a partir de dados desbalanceados, empregando-se o software genético-estatístico Selegen-Re ml/Blup (RESENDE, 2007).

### Resultados e Discussão

Variação significativa foi observada entre progênies apenas para a característica altura total, já em relação às procedências observa-se variação significativa para DAP e volume de madeira e por fim levando-se em conta as parcelas não há variação significativa para nenhum dos caracteres avaliados (Tabela 1).

**Tabela 1.** Análise de *deviance* entre progênies para caracteres de crescimento em *P. tecunumanii* aos 11 anos de idade em Itapetininga, SP.

Efeito	LRT		
	Altura total (m)	DAP (cm)	VOLUME (m <sup>3</sup> arv <sup>-1</sup> )
Procedências	2,78 <sup>ns</sup>	0,50 <sup>ns</sup>	0,62 <sup>ns</sup>
Progênies	2,39 <sup>ns</sup>	20,86**	12,52**
Parcelas	157,25**	2,86 <sup>ns</sup>	45,53**

\*\*\* - Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente. <sup>ns</sup> – Não significativo ao nível de 5%.



De maneira geral, a variação entre progênies tende a ser mais expressiva do que entre procedências ou dentro de progênies. Conforme Borsato (2000) e Dvarok et al. (1996), a variação entre procedências do norte e do centro são analisadas conjuntamente do que quando realizadas por região. Neste último caso, a variação entre procedências pode não ser estatisticamente significativa, o contrário observado no presente trabalho.

Após 12,5 anos após o, as árvores atingiram altura média de 14,86 m, DAP de 21,31 cm e volume de 0,06 m<sup>3</sup> árvore<sup>-1</sup> (Tabela 2). As estimativas de herdabilidade individual foram de 0,07, 0,15 e 0,14 (Altura, DAP, e volume, respectivamente) e indicam possibilidades de ganhos genéticos mediante seleção entre progênies. O parâmetro coeficiente de determinação dos efeitos ambientais entre parcelas ( $\epsilon^2$ ) representando a variabilidade dentro dos blocos foi de 24%, 3% e 12% para Altura, DAP, e volume, respectivamente. Os valores do coeficiente de variação genotípica aditiva individual (CVgi%) foram de 3,98%, 10,04% e 17,68%, já o coeficiente de variação genotípica entre progênies (CVgp%) 1,99%, 5,02% e 8,84%, respectivamente para Altura, DAP, e volume. Por fim, o coeficiente de variação experimental observado foi de 9,05%, 11,06% e 23,85% respectivamente para altura, DAP e volume.

Os valores dos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela foram baixos, indicando baixa variabilidade ambiental no experimento. Pinto Júnior (2004) relatou que as estimativas baixas de  $\epsilon^2$  obtidas em diferentes procedências de *Eucalyptus grandis*, para o caráter volume de madeira, provavelmente são decorrentes da pouca variação de solos entre os locais estudados, indicando baixa variabilidade ambiental entre parcelas dentro de bloco e eficiência do delineamento experimental utilizado.

**Tabela 2.** Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres de crescimento *P. tecunumanii* aos 12,5 anos de idade em Itapetininga, SP.

Parâmetros Genéticos	Altura (m)	DAP (cm)	Volume (m <sup>3</sup> arv <sup>-1</sup> )
$h_a^2$	0,07 (±0,03)	0,15 (±0,05)	0,14 (±0,05)
$c_c^2$			
$c_p^2$	0,24	0,03	0,12
	0,01	0,00	0,00
CVgi%	3,98	10,04	17,68



CVgp%	1,99	5,02	8,84
CVe%	9,05	11,06	23,85
<b>Média Geral</b>	14,86	21,31	0,06

$h_a^2$ : Herdabilidade individual;  $c_p^2$ : Coeficiente de determinação do efeito procedência;  $c_e^2$ : Coeficiente de determinação do efeito de parcela; CVgi%: Coeficiente de variação genética individual; CVgp%: coeficiente de variação genético da procedência; CVe%: Coeficiente de variação experimental.

### Conclusão

As progênies de *P. tecunumanii* apresentam bom desempenho em altura e diâmetro em Itapetininga, SP.

A maior parte da variação genética existente está entre e dentro de progênies. Em programa de melhoramento para caracteres de crescimento pode-se praticar seleção desconsiderando as procedências.

### Agradecimentos

Aos técnicos da Embrapa florestas pela colaboração durante a avaliação do teste de procedências e progênies de *P. tecunumanii*.

### Referências Bibliográficas

- AGUIAR, A. V. de; SOUSA, V. A. de; SHIMIZU, J. Y. **Sistemas de produção: cultivo de pínus**. Disponível em: [http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Pinus/CultivodoPinus\\_2ed/index.htm](http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Pinus/CultivodoPinus_2ed/index.htm). Acesso em: 20 jun. 2012.
- BORSATO, R. **Varição genética em *Pinus greggii* Engelm. e seu potencial para reflorestamento no sul do Brasil**. 2000, 86f.
- DVORAK, W. S.; KIETZKA, J. E.; DONAHUE, J. K. Three-year and growth of provenances of *Pinus greggii* in the tropics and subtropics. **Forest Ecology and Management**, v. 83, p. 123-131, 1996.
- MIROV, N. T. **The genus *Pinus***. New York: Ronald Press, 1967. 602 p.
- MOURA, V. P. G.; VALE, A. T. Variabilidade genética na densidade básica da madeira de *Pinus tecunumanii* procedente do México e da América Central, no cerrado. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, SP, n. 62, p. 104-113, 2002.
- PINTO JÚNIOR, J. E. **REML/BLUP para a análise de múltiplos experimentos, no melhoramento genético de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden**. Curitiba. 2004. 113p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná.
- RESENDE, M. D. V. de. SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Floresta, 2007. 360p.
- SHIMIZU, J. Y. Introdução. In: SHIMIZU, J. Y. (Ed.). **Pinus na silvicultura brasileira**. Colombo: Embrapa Florestas, 2008. p. 15-16.
- SHIMIZU, J. Y.; SEBBENN, A. M. Espécies de pínus na silvicultura brasileira. In: SHIMIZU, J. Y. (Ed.). **Pinus na silvicultura brasileira**. Colombo: Embrapa Florestas, 2008. p. 49-74.