

**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***

Alexandre Magno SEBBENN**

Osmar VILAS BÔAS**

José Carlos Molina MAX**

RESUMO

O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos para caracteres de crescimento em um teste de progênies de *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, aos 20 anos de idade. O teste de progênies foi instalado com sementes de polinização aberta provenientes de 89 árvores matrizes de *Pinus caribaea* var. *bahamensis* do Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais - CCGMPT. Três progênies testemunhas da mesma espécie e oito progênies de *P. caribaea* var. *hondurensis*, selecionadas em Assis para produção de resina, também foram incluídas no ensaio. O delineamento experimental utilizado foi o látice triplo, com parcelas de dez plantas. O ensaio foi mensurado aos 20 anos de idade para diâmetro à altura do peito - DAP, altura total e volume real. Foram detectadas diferenças significativas entre progênies para todos os caracteres. A média dos caracteres para as 89 progênies foi menor que a média calculada para as testemunhas. As correlações genéticas foram altas entre todos os caracteres (mínimo $r_g^{(DAP \times altura)} = 0,71, P < 0,01$). Foram detectados altos coeficientes de variação genética e herdabilidades para todos os caracteres estudados, o que mostra a possibilidade de se obter altos ganhos com a seleção massal e entre e dentro de progênies. Os ganhos esperados para plantios com 20 anos de idade, realizados em locais com as mesmas características ambientais de Assis e com sementes coletadas após a seleção no teste de progênies, foram estimados em 10,6% para DAP, 4,1% para altura, e 23,5% para volume.

Palavras-chave: melhoramento florestal; *Pinus*; teste de progênies; parâmetros genéticos; coancestria; tamanho efetivo.

1 INTRODUÇÃO

No Brasil são plantadas, com interesses comerciais, diversas espécies do gênero *Pinus*, devido ao seu rápido crescimento, boa forma e adaptação às condições climáticas e de solo do país. Essas espécies do gênero *Pinus* são utilizadas para produção de resina, madeira e celulose, entre outros usos.

ABSTRACT

The aim of this study was to estimate genetic parameters for growth traits in a progeny test of *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, at 20 years old. The trial was implanted using open-pollinated seeds from 89 seed-trees of the Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais - CCGMPT, three progenies of the same species selected in Assis and eight progenies of *P. caribaea* var. *hondurensis*, also selected for gum yield in Assis. A 10 x 10 triple lattice design was used with ten trees per plot. The trial was measured at 20 years old for diameter at breast height - DBH, total height and real volume. Significant differences among progenies were detected for all studied traits. The averages of the traits in the 89 progenies were lower than detected in the control treatments. The genetic correlation among the traits were high (minimum $r_g^{(DAP \times altura)} = 0.71, P < 0.01$). High coefficients of genetic variation and heritabilities were detected for all study traits, showing the possibility to capitalize high genetic gains by massal and among and within progenies selection. The expected genetic gains in stands with 20 years old, in sites with similar environmental characteristics of Assis, established from seeds collected after selection in the progeny test were estimated in 10.6% for DBH, 4.1% for height, and 23.5% for volume.

Key words: tree breeding; *Pinus*; progeny test; genetic parameters; coancestry; effective population size.

Espécies subtropicais dos Estados Unidos como *Pinus elliottii* var. *elliottii* e *Pinus taeda* são plantadas nas regiões altas e frias do Sudeste e Sul do Brasil. Já espécies tropicais da América Central como *Pinus oocarpa*, *Pinus tecunumanii*, *Pinus caribaea* e suas três variedades *caribaea*, *hondurensis* e *bahamensis* são plantadas nas regiões quentes do país.

(*) Aceito para publicação em junho de 2008.

(**) Instituto Florestal, Caixa Postal 1322, 01059-970, São Paulo, SP, Brasil.

Dentre as variedades *caribaea*, destaca-se o *Pinus caribaea* Mor. var. *bahamensis* Bar. et Gol., pela sua importância para a produção de madeira e resina para a região Sudeste. Seu crescimento é intermediário entre o *P. caribaea* Mor. var. *caribaea* Bar. et Gol. e o *P. elliottii* Eng. var. *elliottii* (Barrett & Golfari, 1962). A espécie é originária das Ilhas das Bahamas, em áreas distantes em até 600 km, incluindo as Ilhas Grand Bahamas, Great Abaco, Andros, New Providence e Caicos. Nessas ilhas a espécie é encontrada em altitudes que variam desde o nível do mar até 30 m, em clima tropical (25 °C), subúmido (chuvas anuais de 700 a 1.300 mm), com período de seca de seis meses e solos alcalinos (pH 7,5 a 8,5). O *P. caribaea* var. *bahamensis* é espécie monóica, polinizada pelo vento e a reprodução ocorre predominantemente por cruzamentos (Matheson *et al.*, 1989; Zheng & Ennos, 1997), embora níveis altos de endogamia tenham sido detectados em algumas de suas populações naturais (\hat{F} variando de 0,139 a 0,218; Zheng & Ennos, 1999).

Estudos da variação genética de caracteres de crescimento, forma e produção de resina em testes de procedências e progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis* têm revelado valores substanciais para os coeficientes de variação genética e herdabilidades (Sebbenn *et al.*, 1994; Zheng *et al.*, 1994; Gurgel Garrido *et al.*, 1996; Gurgel Garrido *et al.*, 1999; Missio *et al.*, 2004). Por exemplo, Missio *et al.* (2004) reportaram coeficientes de variação genética de até 10,5% e herdabilidades de até 0,56 para o caráter volume, em teste de progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis*, implantado em Selvíria-MS. Gurgel Garrido *et al.* (1996) reportaram coeficientes de variação genética de até 6,6% e herdabilidades de até 0,70 para diâmetro à altura do peito - DAP, em teste de progênies da espécie estabelecido em Assis-SP. Esses altos coeficientes de variação genética e coeficientes de herdabilidade sugerem que a espécie tem alto potencial genético para o melhoramento florestal por seleção. Em concordância, altos ganhos na seleção têm sido estimados para caracteres de crescimento e produção de resina na espécie, atingindo valores de 8,3% para volume real e 46,2% para produção de resina (Sebbenn *et al.*, 1994; Zheng *et al.*, 1994; Gurgel Garrido *et al.*, 1996; Gurgel Garrido *et al.*, 1999; Missio *et al.*, 2004).

Em programas de melhoramento florestal é fundamental conhecer a magnitude da variação genética e os coeficientes de herdabilidades, visto que a variação genética é a matéria-prima do melhoramento e sem variação genética nada pode ser feito em termos de seleção. Por sua vez, os coeficientes de herdabilidades medem quanto da variação fenotípica é de origem genética, ou seja, quanto da variação que observamos nos caracteres de interesse está sobre controle genético e pode ser manipulada pela seleção.

Os objetivos deste estudo foram estimar parâmetros genéticos para caracteres de crescimento em um teste de progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis* aos 20 anos de idade, estabelecido em Assis, SP. Mais especificamente, os objetivos foram: *i*) estimar coeficientes de variação genética e de herdabilidades para caracteres de crescimento; *ii*) estimar coeficientes de correlações fenotípicas e genéticas entre caracteres de crescimento; *iii*) quantificar os progressos esperados com a seleção seqüencial entre e dentro de progênies, e *iv*) quantificar o tamanho efetivo da população de recombinação após a seleção entre e dentro de progênies.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local de Ensaio, Amostragem e Delineamento Experimental

O teste de progênies foi implantado na Floresta Estadual de Assis, situada a 22° 35' S e, 50° 22' W com altitude média de 562 m. Segundo a classificação de Köppen, a região do estudo encontra-se em uma zona de transição climática entre os tipos Cwa e Cfa. A precipitação média anual fica ao redor de 1.400 mm e a temperatura média anual é de 21,8 °C. O solo do local é caracterizado pela EMBRAPA (1999) como Latossolo Vermelho Distrófico álico típico A moderado e textura média.

O teste de progênies foi instalado em março de 1988 com sementes de polinização aberta provenientes de 89 árvores matrizes do Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais - CCGMPT. As matrizes pertencem ao programa de melhoramento florestal

SEBBENN, A. M.; VILAS BÔAS, O.; 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 de idade em Assis-SP.

coordenado pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais - IPEF, implantado no município de Aracruz, ES, em 1978/80, com 300 clones de matrizes selecionadas em sete locais do Estado de São Paulo, com intensidades de seleção variando de 1:250 a 1:5000, conforme relatos de Santos *et al.* (1988). As matrizes foram selecionadas principalmente para os caracteres de volume e forma.

O ensaio foi composto por 89 progênies do pomar de sementes clonais, três progênies de árvores selecionadas para alta produção de resina em Assis e oito progênies de matrizes de *P. caribaea* var. *hondurensis*, também de Assis, quatro das quais igualmente selecionadas para a produção de resina. O delineamento experimental utilizado foi o látice triplo, com parcelas de dez plantas em linha no espaçamento de 3 x 3 m. Uma bordadura de três linhas foi adicionada para reduzir o efeito ambiental nas extremidades dos tratamentos. Em 1996, foi realizado um desbaste seletivo em 60% das árvores dentro das parcelas (seis de cada dez foram eliminadas) para produção de resina (Gurgel Garrido *et al.*, 1996). O ensaio foi mensurado aos 20 anos de idade para diâmetro à altura do peito (DAP – 1,3 m acima do solo) e altura total (metros) das árvores. O volume real (V_r) foi calculado pela expressão $V_r = [\pi(DAP)^2 h F_F] / 4$, sendo h a altura e F_F o fator de forma, obtido por Sebbenn *et al.* (1994), igual a 0,47.

2.2 Estimativas dos Componentes de Variância

As análises de variância foram realizadas utilizando-se o programa SAS (SAS, 1999). O teste F para o efeito de blocos e progênies foi realizado utilizando-se o procedimento GLM. As análises de variância foram realizadas segundo delineamento de blocos casualizados, utilizando o seguinte modelo linear:

$$Y_{ijk} = \mu + t_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk}$$

em que: Y_{ijk} = desempenho médio do k -ésimo indivíduo, do j -ésimo bloco, da i -ésima progênie; μ = média geral da variável em análise; t_i = efeito aleatório da i -ésima progênie ($i = 1, 2, \dots, I$); b_j = efeito fixo do j -ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, J$); e_{ij} = efeito aleatório da interação entre a i -ésima progênie do j -ésimo bloco ou, efeito ambiental

aleatório da ij -ésima parcela; d_{ijk} = efeito aleatório da k -ésima árvore dentro da ij -ésima parcela. Sendo, K o número de árvores por progênies, J o número de blocos, I o número de progênies e, \bar{n} a média harmônica do número de árvores por parcela.

Os componentes de variância foram estimados utilizando os procedimentos VARCOMP e REML (Restricted Maximum Likelihood) do programa SAS, em combinação. O procedimento REML foi usado em razão do desbalanceamento dos dados quanto ao número de plantas por parcela, devido à mortalidade e ao desbaste realizado em 1996. Os componentes estimados foram: $\hat{\sigma}_g^2$ = variância genética entre progênies; $\hat{\sigma}_e^2$ = variância ambiental; $\hat{\sigma}_d^2$ = variância devido a diferenças fenotípicas entre árvores dentro de parcelas. Desses componentes foi estimada a variância fenotípica total, $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_p^2$.

2.3 Estimativa de Herdabilidades e Coeficiente de Variação Genética

As definições e cálculos dos coeficientes de herdabilidade, coeficientes de variação, ganhos esperados na seleção e correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres foram obtidos segundo Namkoong (1979). As progênies foram assumidas como originárias de um sistema misto de reprodução, sendo compostas por misturas de parentescos, como meios-irmãos, irmãos-completos, irmãos de autofecundação e irmãos de cruzamento e autofecundação. A variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) foi estimada por $\hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_p^2 / \hat{r}_{xy}$, sendo $\hat{\sigma}_p^2$ a variância genética entre progênies e, r_{xy} o coeficiente médio de parentesco entre plantas dentro de progênies. O coeficiente médio de parentesco dentro de progênies foi estimado utilizando-se a expressão de Ritland (1989): $\hat{r}_{xy} = 0,25(1 + \hat{F}_p)[4\hat{s} + (\hat{t}^2 + \hat{t}\hat{s})/(1 + \hat{r}_p)]$, em que, \hat{F}_p é o coeficiente de endogamia na geração parental, s é a taxa de autofecundação, t é a taxa de cruzamento, r_s é a correção de autofecundação

(mede a variação individual na taxa de cruzamentos), e r_p é a correlação de paternidade (mede a proporção de irmãos-completos dentro das progênes). A taxa de cruzamento foi obtida de Matheson *et al.* (1989), utilizando-se uma média para duas populações de *P. caribaea* var. *bahamensis* que foi 0,89. Segundo estimativas obtidas por Sebbenn *et al.* (2008a), os coeficientes F e r_s foram assumidos como zero e a proporção de irmãos-completos (r_p) de 15%, resultando em um coeficiente de parentesco dentro de progênes de 0,338. Adicionalmente, para avaliar o impacto da correção da variância genética aditiva e de parâmetros dependentes desta, como herdabilidades e ganhos na seleção, também estimou-se a variância genética aditiva assumindo progênes meios-irmãos ($r_{xr} = 0,25$) e $\hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_g^2 / 0,25$.

As herdabilidades foram estimadas em nível de plantas individuais (\hat{h}_i^2), média de progênes (\hat{h}_m^2) e dentro de progênes (\hat{h}_d^2):

$$\hat{h}_i^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2}, \quad \hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{J} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{\bar{n}J}} \quad \text{e}$$

$$\hat{h}_d^2 = \frac{(1 - r_{xy})\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2}.$$

A variação genética na população foi quantificada pelo coeficiente de variação genética (CV_g) e coeficiente de variação aditiva (CV_A):

$$CV_g = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\bar{x}} \times 100 \quad \text{e} \quad CV_A = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_A^2}}{\bar{x}} \times 100.$$

2.4 Correlações Genéticas e Fenotípicas

As correlações fenotípicas e genéticas entre os caracteres DAP, altura e volume foram estimadas dos valores individuais de acordo com as equações,

$$\hat{r}_{P_{XY}} = \frac{\hat{\sigma}_{F_X F_Y}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{F_X}^2 \cdot \hat{\sigma}_{F_Y}^2}} \quad \hat{r}_{g_{XY}} = \frac{\hat{\sigma}_{P_X P_Y}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{P_X}^2 \cdot \hat{\sigma}_{P_Y}^2}}$$

em que, $r_{F_{XY}}$ e $r_{g_{XY}}$ são os coeficientes de variação fenotípica e genética, $\sigma_{F_X F_Y}$ e $\sigma_{P_X P_Y}$ são os produtos cruzados fenotípicos e genéticos dos caracteres x e y , estimados das análises de covariância, $\sigma_{F_X}^2$, $\sigma_{P_X}^2$, e $\sigma_{F_Y}^2$, $\sigma_{P_Y}^2$ são as variâncias fenotípicas e genéticas dos caracteres x e y , respectivamente.

A resposta esperada com a seleção seqüencial entre e dentro de progênes (R_{ed}) foi calculada por,

$$\hat{R}_{ed} = i_e \hat{\sigma}_F \hat{h}_m^2 + i_d \hat{\sigma}_d \hat{h}_d^2,$$

em que, i_e e i_d são as intensidades de seleção em unidade de desvio-padrão, aplicada entre e dentro de progênes e σ_F e σ_d são os desvios-padrão da variância fenotípica total e dentro de progênes. Para a formação de um pomar de sementes por mudas foram selecionadas 29 progênes (33% - $i_e = 1,0974$; Hallauer & Miranda Filho, 1988) e as três melhores árvores dentro das melhores progênes (6,7% - $i_d = 1,83$; Hallauer & Miranda Filho, 1988). A resposta da seleção em porcentagem [R (%)] foi estimada por: $\hat{R}(\%) = 100(\hat{R}_{ed} / \bar{x})$, em que \bar{x} é a média do caráter.

2.5 Coancestria e Tamanho Efetivo

A população após a seleção foi caracterizada em termos do coeficiente de coancestria do grupo (Θ_{xy}), que se refere à endogamia que poderia ser gerada por cruzamentos aleatórios nas sementes coletadas no teste após a seleção. O coeficiente de coancestria foi estimado baseado na representação das progênes (Kang *et al.*, 2001),

$$\hat{\Theta}_{xy} = \frac{0,5(1 + \hat{F}_p)nm + \hat{\theta}_{xy}mn(n-1)}{(nm)^2},$$

sendo m o número de progênes selecionadas, n o número de plantas selecionadas dentro de progênes,

SEBBENN, A. M; VILAS BÔAS, O.; 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 de idade em Assis-SP.

F_p o coeficiente de endogamia na população, assumido como zero ($\hat{F}_p = 0$) e θ_{xy} o coeficiente de coancestria dentro de progênies, assumido como 0,169 ($\hat{\Theta}_{xy} = \hat{r}_{xy} / 2 = 0,338 / 2$; assumindo ausência de endogamia na geração parental, $\hat{F}_p = 0$).

O tamanho efetivo (N_e) foi estimado como a metade do coeficiente de coancestria de grupo (Lindgren *et al.*, 1996),

$$\hat{N}_e = \frac{0,5}{\hat{\Theta}_{xy}} .$$

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Variação Entre Progênies

A análise de variância revelou diferenças altamente significativas (1% de probabilidade) entre média de progênies para os três caracteres avaliados (TABELA 1), sugerindo a presença de variação genética entre progênies e a possibilidade de melhoramento a partir da seleção das progênies mais produtivas.

A prévia análise deste ensaio aos cinco anos de idade (Gurgel Garrido *et al.*, 1996) já havia revelado a presença de variação significativa para os caracteres DAP, altura e produção de resina. Missio *et al.* (2004), estudando 119 progênies de polinização aberta de *P. caribaea* var. *bahamensis* provenientes do mesmo pomar de sementes (CCGMPT) que deu origem ao presente ensaio, também detectaram variação genética entre progênies, aos 13 anos de idade, em Selvíria-MS, para os caracteres DAP, altura, forma do fuste e volume real. Esses resultados reforçam a hipótese de que o material genético proveniente do pomar de sementes CCGMPT tem alta variação genética e potencial para a continuidade de programas de melhoramento genético para caracteres de crescimento, forma e produção de resina.

Variação genética entre progênies e progênies dentro de procedências de *P. caribaea* var. *bahamensis* também têm sido observadas em outros estudos genéticos com a espécie (Sebbenn *et al.*, 1994; Zheng *et al.*, 1994; Gurgel Garrido *et al.*, 1999; Freitas *et al.*, 2005; Sebbenn *et al.*, 2008a), demonstrando o alto potencial genético da espécie para o melhoramento florestal.

TABELA 1 – Quadrados médios, resultados do teste F da análise de variância e médias para os caracteres DAP, altura e volume em progênies e testemunhas de *P. caribaea* var. *bahamensis*, em Assis, SP.

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios		
		DAP (cm)	Altura (m)	Volume (m ³ /árvore)
Blocos	2	35,022	2,9123	0,0399
Progênies	88	65,5599**	7,7104**	0,1873**
Erro entre	176	25,7416	3,7692	0,0748
Dentro	964	30,4730	2,9885	0,0885
Média das progênies		28,39	21,02	0,664
Média das testemunhas (<i>P. c.</i> var. <i>bahamensis</i>)		31,36	21,96	0,839
Média das testemunhas (<i>P. c.</i> var. <i>hondurensis</i>)		32,67	22,28	0,918

(**) $P \leq 0,01$.

3.2 Crescimento dos Caracteres

A média dos caracteres das 89 progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis* foram inferiores às médias calculadas para as testemunhas da mesma espécie e de *P. caribaea* var. *hondurensis* (TABELA 1). A maior diferença entre as progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis* e a testemunha da mesma espécie foi observada para volume (21%), seguida por DAP (9%) e altura (4%). Em relação às testemunhas de *P. caribaea* var. *hondurensis*, as diferenças foram de 28% para volume, 13% para DAP e 6% para altura. O maior crescimento das testemunhas de *P. caribaea* var. *bahamensis*, em relação às progênies avaliadas do CCGMPT, provavelmente se deve ao fato de as testemunhas terem sido selecionadas em plantios localizados no próprio local de ensaio, Floresta Estadual de Assis, e assim, já apresentam algum grau de adaptação a este ambiente, devido à seleção natural. Por outro lado, o menor crescimento, tanto das progênies como das testemunhas de *P. caribaea* var. *bahamensis* em relação ao *P. caribaea* var. *hondurensis*, não é novidade. Dentre as três variedades de *P. caribaea*, a variedade *hondurensis* é conhecida por seu crescimento mais rápido em comparação com as variedades *bahamensis* e *caribaea*.

Comparando-se os crescimentos em DAP e altura das progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis*,

em termos de incremento médio anual - IMA, com o observado no mesmo ensaio aos cinco anos de idade (Gurgel Garrido *et al.*, 1996), observa-se uma substancial redução na taxa de crescimento nestes últimos 15 anos (TABELA 2). O atual incremento em DAP (1,42 cm) e altura (1,05 m) foi, respectivamente, 43 e 39% menor do que o observado aos cinco anos para DAP (2,49 cm) e altura (1,72 m). Por isso, fica difícil comparar a atual taxa de crescimento com a observada na mesma espécie, ou mesmo outras espécies em idades juvenis. A comparação do crescimento em DAP e altura das progênies aqui testadas, em relação ao observado aos 22 anos de idade em Bebedouro–SP (IMA_{DAP} = 1,14 cm; IMA_{Altura} = 1,01 m: Freitas *et al.*, 2005), sugere que a espécie tem maior taxa de crescimento nas condições ambientais de Assis, do que em Bebedouro. No entanto, em comparação ao observado em Angatuba, Itapetininga e Itapeva (TABELA 2), onde o DAP aos 12 anos já atingiu, respectivamente 85%, 92% e 86% do crescimento observado em Assis aos 20 anos de idade, ou seja, com 60% (12/20) da idade das árvores de Assis, as árvores nestes ambientes já cresceram mais de 85% do total observado neste último local, indicando que o crescimento em Assis é menor.

TABELA 2 – Médias de crescimento e incremento médio anual (IMA) para DAP e altura em testes de procedências e progênies de algumas espécies de *Pinus*, no Estado de São Paulo.

Espécie	Idade (anos)	Local	DAP (IMA cm)	ALT (IMA m)	Autor
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	20	Assis	28,39 (1,42)	21,02 (1,05)	Este estudo
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	5	Assis	12,47 (2,49)	8,58 (1,72)	Gurgel Garrido <i>et al.</i> (1996)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	12	Angatuba	24,20 (2,02)	–	Romanelli & Sebbenn (2004)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	12	Itapetininga	26,05 (2,17)	–	Romanelli & Sebbenn (2004)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	12	Itapeva	24,30 (2,02)	–	Romanelli & Sebbenn (2004)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	5	Bebedouro	13,97 (2,79)	10,47 (2,09)	Sebbenn <i>et al.</i> (1994)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	22	Bebedouro	25,08 (1,14)	22,15 (1,01)	Freitas <i>et al.</i> (2005)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	15	Paraguaçu	22,73 (1,52)	15,46 (1,03)	Sebbenn <i>et al.</i> (2008a)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	16	Paraguaçu	23,64 (0,91)	18,33 (1,15)	Sebbenn <i>et al.</i> (2008a)
<i>P. elliottii</i> var. <i>elliottii</i>	25	Assis	22,23 (0,89)	13,05 (0,52)	Sebbenn <i>et al.</i> (2008b)
<i>P. elliottii</i> var. <i>elliottii</i>	19	Paraguaçu	25,44 (1,34)	16,26 (0,85)	Sebbenn <i>et al.</i> (2008a)

SEBBENN, A. M; VILAS BÔAS, O.; 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 de idade em Assis-SP.

Finalmente, comparando os crescimentos em DAP e altura das progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis*, com o observado em *P. elliottii* var. *elliottii*, aos 25 anos de idade no mesmo local ($IMA_{DAP} = 0,82$ cm; $IMA_{Altura} = 0,59$ m: Sebbenn *et al.*, 2008b) e aos 19 anos em Paraguaçu Paulista ($IMA_{DAP} = 1,34$ cm; $IMA_{Altura} = 0,85$ m: Sebbenn *et al.*, 2008a), fica evidente a superioridade no crescimento de *P. caribaea* var. *bahamensis* sobre o *P. elliottii* var. *elliottii* na região.

3.3 Correlações Fenotípicas e Genéticas

Ambas as estimativas das correlações fenotípicas e genéticas evidenciaram associações positivas, significativas e relativamente altas entre DAP, altura e volume real (TABELA 3). Contudo, todas as correlações genéticas foram maiores do que as fenotípicas, o que é altamente favorável à seleção indireta entre os caracteres, ou seja, a seleção em um caráter vai impreterivelmente levar ao melhoramento indireto em outro. As maiores correlações genéticas e fenotípicas foram observadas entre DAP e volume, seguida de altura e volume, e finalmente por DAP e altura.

A alta associação genética entre DAP e altura em relação a volume é esperada, uma vez que o volume é calculado diretamente destas duas variáveis e, portanto, é diretamente dependente destas. Considerando, que o DAP é um caráter de fácil mensuração e sujeito a menos erros do que a altura total de plantas, em especial em idades avançadas de experimentação, o DAP deve ser o caráter utilizado para a seleção direta e a altura e o volume podem ser melhorados pela seleção indireta, ou seja, pela seleção no DAP.

Em relação à origem das altas correlações genéticas entre estes caracteres, ela pode ser explicada pela pleiotropia e pela ligação entre locos que controlam ambos os caracteres. Pleiotropia é o fenômeno em que diferentes caracteres são controlados pelos mesmos genes, de forma que a expressão gênica ocorra simultaneamente sobre mais de um caráter, conferindo algum tipo de associação entre eles. Por outro lado, a ligação entre locos poderia causar correlação genética entre caracteres, visto que durante a formação dos gametas na meiose, os genes que controlam diferentes caracteres se encontram no mesmo grupo de ligação e são herdados em conjunto, afetando de alguma forma os diferentes caracteres controlados por estes genes ligados.

TABELA 3 – Correlações genéticas (r_g) e fenotípicas (r_F) entre os caracteres DAP, altura e volume real em progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis*, em Assis, SP.

Caracteres	\hat{r}_g	\hat{r}_F
DAP x Altura	0,71**	0,59**
DAP x Volume	0,98**	0,97**
Altura x Volume	0,89**	0,66**

(**): $P \leq 0,01$.

3.4 Variação Genética e Coeficientes de Herdabilidade

O coeficiente de variação genética (CV_g) foi alto para os caracteres DAP (5,8%) e volume (13,1%) e relativamente baixo para altura de plantas (2,6%) (TABELA 4). Contudo, todos os valores estimados foram maiores do que a média calculada para diferentes espécies, idades e populações de *Pinus* testados no Brasil. Na TABELA 5 são apresentados resultados das estimativas do coeficiente de variação genético e das herdabilidades em nível de plantas individuais (\hat{h}_i^2), média de progênies (\hat{h}_m^2) e dentro de progênies (\hat{h}_d^2) para espécies do gênero *Pinus* testadas no Brasil. O coeficiente CV_g tem variado entre espécies, idades e populações para DAP de 0,6 a 8,7% (média de 3,7%), para altura de 0,8 a 4,6% (média de 2,1%) e para volume de 1,3 a 10,5% (média de 6,6%). Os valores estimados neste trabalho foram maiores do que a média das espécies apresentadas na TABELA 5, indicando que a presente população tem alta variação genética e, portanto, alto potencial para a seleção. Esse resultado é confirmado pela estimativa de valores maiores do coeficiente de variação genética aditiva (CV_A) para os caracteres, que se refere à parte da variação genética que é transmitida para a próxima geração (TABELA 4).

O padrão de variação genético detectado para os caracteres indica maior expressão da variação genética para o volume, seguido do DAP e por último da altura de plantas. Esse é exatamente o mesmo padrão observado para a média de diferentes espécies arbóreas (TABELA 5), e indica que maiores ganhos genéticos podem ser obtidos pela seleção do volume, seguido do DAP e altura de plantas.

Os coeficientes de herdabilidade foram estimados para dois cenários diferentes, assumindo que o sistema de reprodução da espécie é misto (Matheson *et al.*, 1989; Zheng & Ennos, 1997), e assumindo que as progênies são meios-irmãos verdadeiros, originados de populações sem endogamia e parentesco (TABELA 4). Assumir que as progênies foram originadas por um sistema misto de reprodução gerou menores valores de herdabilidade em nível de plantas individuais (\hat{h}_i^2) e dentro de progênies (\hat{h}_d^2), em relação ao modelo que assume progênies de meios-irmãos. Como estimativas da taxa de cruzamento em populações de *P. caribaea* var. *bahamensis* têm indicado a espécie como de sistema misto de reprodução (Matheson *et al.*, 1989; Zheng & Ennos, 1997), os presentes resultados mostram que assumir progênies de polinização aberta da espécie como verdadeiros meios-irmãos gera superestimativas na variância genética aditiva e coeficientes de herdabilidade.

TABELA 4 – Estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres DAP, altura e volume real (Vol) em progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis*, em Assis, SP.

Parâmetros	Sistema misto			Meios-irmãos		
	DAP	Altura	Vol	DAP	Altura	Vol
Coeficiente de variação genética – CV_g (%)	5,8	2,6	13,1	5,8	2,6	13,1
Coeficiente de variação genética aditiva – CV_A (%)	10,2	4,5	23,0	11,6	5,1	26,3
Herdabilidade individual – \hat{h}_i^2	0,26	0,26	0,25	0,34	0,34	0,32
Herdabilidade entre progênies – \hat{h}_m^2	0,62	0,56	0,61	0,62	0,56	0,61
Herdabilidade dentro de progênies – \hat{h}_d^2	0,19	0,20	0,18	0,26	0,29	0,24

SEBBENN, A. M.; VILAS BÔAS, O.; 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 de idade em Assis-SP.

TABELA 5 – Estimativas dos coeficientes de variação genética (CV_g), herdabilidade em nível de plantas individuais (h_i^2), média de progênies (h_m^2) e dentro de progênies (h_d^2) para DAP e altura em testes de procedências e progênies de algumas espécies de *Pinus*, no Estado de São Paulo.

Caráter/Espécie	Idade (anos)	CV_g (%)	\hat{h}_i^2	\hat{h}_m^2	\hat{h}_d^2	Autor
DAP						
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	2	2,4	0,30	0,62	0,28	Sebbenn <i>et al.</i> (1994)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	5	6,6	0,50	0,70	0,45	Gurgel Garrido <i>et al.</i> (1996)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	5	1,9	0,28	0,54	0,24	Sebbenn <i>et al.</i> (1994)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	13	5,6	0,20	0,56	–	Missio <i>et al.</i> (2004)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	15	4,6	0,19	0,56	0,14	Sebbenn <i>et al.</i> (2008a)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	22	2,8	0,06	0,27	0,04	Freitas <i>et al.</i> (2005)
<i>P. elliottii</i> var. <i>elliottii</i>	4	3,4	0,16	0,42	0,13	Romanelli & Sebbenn (2004)
<i>P. elliottii</i> var. <i>elliottii</i>	4	5,5	0,41	0,67	0,37	Romanelli & Sebbenn (2004)
<i>P. elliottii</i> var. <i>elliottii</i>	4	4,0	0,21	0,50	0,18	Romanelli & Sebbenn (2004)
<i>P. elliottii</i> var. <i>elliottii</i>	12	2,4	0,08	0,33	0,07	Romanelli & Sebbenn (2004)
<i>P. elliottii</i> var. <i>elliottii</i>	12	3,7	0,22	0,57	0,18	Romanelli & Sebbenn (2004)
<i>P. elliottii</i> var. <i>elliottii</i>	12	3,8	0,22	0,54	0,19	Romanelli & Sebbenn (2004)
<i>P. elliottii</i> var. <i>elliottii</i>	25	8,7	0,46	0,76	0,36	Sebbenn <i>et al.</i> (2008b)
<i>P. maximinoi</i>	11	1,5	0,04	0,40	0,03	Ettori <i>et al.</i> (2004)
<i>P. tecunumanii</i>	7	0,6	0,03	0,22	0,02	Sebbenn <i>et al.</i> (1995)
<i>P. patula</i> ssp. <i>tecunumanii</i>	14	1,9	0,02	0,11	0,01	Sebbenn <i>et al.</i> (2005)
Média	–	3,7	0,21	0,49	0,18	
Altura						
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	2	1,8	0,26	0,54	0,25	Sebbenn <i>et al.</i> (1994)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	5	1,1	0,22	0,54	0,18	Sebbenn <i>et al.</i> (1994)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	5	3,7	0,29	0,70	0,32	Gurgel Garrido <i>et al.</i> (1996)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	13	2,0	0,12	0,41	–	Missio <i>et al.</i> (2004)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	15	1,7	0,07	0,24	0,08	Sebbenn <i>et al.</i> (2008a)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	22	1,9	0,11	0,45	0,09	Freitas <i>et al.</i> (2005)
<i>P. elliottii</i> var. <i>elliottii</i>	25	4,6	0,44	0,68	0,38	Sebbenn <i>et al.</i> (2008b)
<i>P. maximinoi</i>	11	1,7	0,03	0,23	0,03	Ettori <i>et al.</i> (2004)
<i>P. tecunumanii</i>	7	0,8	0,19	0,55	0,18	Sebbenn <i>et al.</i> (2005)
<i>P. patula</i> ssp. <i>tecunumanii</i>	14	1,5	0,05	0,22	0,01	Sebbenn <i>et al.</i> (2005)
Média	–	2,1	0,18	0,46	0,17	
Volume						
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	5	4,3	0,21	0,54	0,19	Sebbenn <i>et al.</i> (1994)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	13	10,5	0,21	0,56	–	Missio <i>et al.</i> (2004)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	15	10,1	0,17	0,53	0,13	Sebbenn <i>et al.</i> (2008a)
<i>P. caribaea</i> var. <i>bahamensis</i>	22	6,8	0,09	0,40	0,07	Freitas <i>et al.</i> (2005)
<i>P. tecunumanii</i>	7	1,3	0,05	0,17	0,05	Sebbenn <i>et al.</i> (2005)
Média	–	6,6	0,15	0,44	0,11	

As superestimativas nos coeficientes \hat{h}_i^2 e \hat{h}_d^2 foram de 23% e 31%, respectivamente, sendo consideradas altas. Conseqüentemente, como os cálculos dos ganhos esperados na seleção dependem da estimativa de coeficiente de herdabilidade, as superestimativas nos coeficientes de herdabilidade também geram superestimativas nos ganhos esperados com a seleção. Por isso, os ganhos genéticos foram estimados apenas para o caso em que as progênies foram consideradas como originárias de um sistema misto de reprodução, combinando cruzamento, autofecundações e cruzamentos correlacionados, sendo as progênies compostas por misturas de meios-irmãos, irmãos-completos, irmãos de autofecundação e irmãos de autofecundação e cruzamento. O coeficiente de herdabilidade em nível de média de progênies não foi afetado porque depende só da variância entre progênies.

Todos os caracteres apresentaram valores de herdabilidades em nível de plantas individuais, média de progênies e dentro de progênies superiores à média estimada para espécies de *Pinus* testadas no Brasil (TABELA 5), indicando que parte substancial da variação fenotípica é de origem genética. Esse fato demonstra que existe um forte controle genético nos caracteres e que a população tem alto potencial para a capitalização de ganhos genéticos pela seleção massal no ensaio, entre média de progênies e dentro de progênies. Este ensaio foi previamente avaliado aos cinco anos de idade, e as herdabilidades foram estimadas assumindo que as progênies eram de meios-irmãos (Gurgel Garrido *et al.*, 1996). Comparando as herdabilidades estimadas no presente ensaio e também assumindo progênies de meios-irmãos (DAP: $\hat{h}_i^2 = 0,34$, $\hat{h}_m^2 = 0,62$ e $\hat{h}_d^2 = 0,27$; altura: $\hat{h}_i^2 = 0,34$, $\hat{h}_m^2 = 0,56$ e $\hat{h}_d^2 = 0,29$), com as previamente reportadas para o DAP ($\hat{h}_i^2 = 0,50$, $\hat{h}_m^2 = 0,70$ e $\hat{h}_d^2 = 0,45$) e altura ($\hat{h}_i^2 = 0,29$, $\hat{h}_m^2 = 0,70$ e $\hat{h}_d^2 = 0,32$) aos cinco anos de idade (Gurgel Garrido *et al.*, 1996), verifica-se que ocorreu uma tendência de redução nestes coeficientes com o crescimento das árvores, sugerindo que o controle genético dos caracteres foi maior aos cinco anos do que aos 20 anos,

e que possivelmente, a seleção fosse mais eficiente aos cinco anos de idade. Contudo, talvez as plantas selecionadas aos 5 anos não seriam as mesmas daquelas selecionadas aos 20 anos, visto que as melhores árvores aos 5 anos poderem perder expressão em idade mais avançada, devido à interação anos x idade.

3.5 Resposta a Seleção

Como previsto pelo alto coeficiente de variação genética entre progênies, coeficiente de variação genética aditivo e pelos coeficientes de herdabilidades, os resultados dos ganhos esperados com a seleção foram altos (TABELA 6), em especial para os caracteres DAP (10,6%) e volume real (23,5%). Ressalta-se que tais ganhos são esperados para plantios com 20 anos de idade, realizados com sementes coletadas no teste de progênies após a seleção e implantados em ambientes com características ambientais semelhantes as da Floresta Estadual de Assis. Tais ganhos foram preditos com base na seleção de aproximadamente 33% das 89 progênies (29 progênies superiores) e de duas árvores de cada progênie selecionada. O tamanho final da população de recombinação seria de 58 plantas.

Assumindo um coeficiente médio de coancestria dentro de progênies de 0,169 ($\hat{\Theta}_{xy} = \hat{r}_{xy} / 2 = 0,338 / 2$; assumindo ausência de endogamia na geração parental, $\hat{F}_p = 0$), estimou-se um coeficiente médio de coancestria na população de recombinação (teste de progênies após a seleção) de 0,0115. Esse valor representa a endogamia que poderia ser gerada por cruzamentos aleatórios nas sementes coletadas no teste de progênies após a seleção, visto que a endogamia em uma geração é igual a coancestria entre os parentais. Portanto, se os cruzamentos forem perfeitamente aleatórios no teste após a seleção, pode-se esperar uma taxa de endogamia de apenas 1,15%. Contudo, cruzamentos aleatórios não são a regra em populações de espécies arbóreas, e é possível que ocorram alguns cruzamentos entre parentes, mais freqüentes do que o esperado (Sebbenn, 2003), de forma que a endogamia possa ser pouco superior à predita por cruzamentos aleatórios.

SEBBENN, A. M.; VILAS BÔAS, O.; 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 de idade em Assis-SP.

TABELA 6 – Resposta da seleção [$\hat{R}s$ (%)] para DAP, altura e volume real (Vol) em 89 progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis*, aos 20 anos de idade em Assis, São Paulo.

Parâmetro	DAP (cm)	Altura (m)	Vol (m ³ /árvore)
Média da população: $\bar{X}_{\text{População}}$	28,39	21,02	0,664
Média da população selecionada: $\bar{X}_{\text{Selecionada}}$	38,55	22,72	1,257
Ganho na seleção: $\hat{R}s$	3,02	0,97	0,156
Média da população melhorada: $\bar{X}_{\text{Melhorada}} = \bar{X}_{\text{População}} + \hat{R}s$	31,41	21,99	0,840
Ganhos esperados com a seleção: $\hat{R}s$ (%)	10,6	4,6	23,5

Seleção de 33% ($i = 1,0974$) das progênies (1:3) e 6,7% ($i = 1,83$) das melhores plantas das melhores progênies (2:30).

Finalmente, do coeficiente médio de coancestria estimado após a seleção, estimou-se o tamanho efetivo (N_e) para a população de recombinação de 44 árvores, ou seja, as 58 árvores selecionadas nas 29 melhores progênies correspondem a 44 árvores não aparentadas e endogâmicas. Isso significa uma relação entre o tamanho efetivo e o número senso de 0,76 (N_e/n). A menor relação N_e/n da unidade (1,0) ocorreu devido à presença de genes idênticos por descendência na população selecionada, que no caso foi estimada em 16,9% entre irmãos da mesma progênie e de 0,0115 na população como um todo (considerando as 29 progênies e as duas plantas selecionadas de cada progênie). Essa relação poderia ser aproximada de um (1,0), pela seleção de apenas uma planta de cada progênie, mas neste caso, o tamanho da população e o tamanho efetivo seriam reduzidos para 29. Dessa forma, as 29 plantas da população de recombinação representariam 29 árvores não aparentadas e endogâmicas. Considerando, a drástica redução no tamanho efetivo final da população (redução no tamanho efetivo de 44 para 29), caso apenas uma planta de cada progênie fosse selecionada, aqui se advoga a seleção das 29 melhores progênies, seguida da seleção das duas melhores árvores dentro das progênies selecionadas, como uma estratégia mais adequada de seleção para produção

de sementes melhoradas para caracteres de crescimento de *P. caribaea* var. *bahamensis*, para plantios comerciais na região de Assis.

4 CONCLUSÕES

1. Existem diferenças significativas entre progênies para os caracteres DAP, altura e volume real.
2. O crescimento médio das progênies de *P. caribaea* var. *bahamensis* foi inferior ao das testemunhas da mesma espécie e de *P. caribaea* var. *hondurensis*.
3. As correlações fenotípicas e genéticas foram positivas, altas e significativas entre os caracteres DAP, altura e volume, o que permite a seleção indireta em um caráter com a seleção direta em outro.
4. As altas variações genéticas e coeficientes de herdabilidade para os caracteres possibilita o melhoramento genético da população a partir da seleção massal, entre progênies e dentro de progênies.
5. As estimativas da resposta esperada na seleção evidencia a possibilidade de progressos genéticos substanciais pela seleção para os caracteres DAP, altura e volume.

5 AGRADECIMENTOS

Os autores são gratos aos estudantes de Engenharia Florestal Rafael Alexandre Silvestre, Samuel Carloni e Vagner Aparecido Garosi, pela mensuração do experimento e digitação dos dados. O autor Alexandre Magno Sebbenn agradece ao Conselho Nacional de Ciência e Tecnologia - CNPq pela concessão da bolsa de produtividade em pesquisa. Os autores também agradecem aos dois revisores anônimos pelas sugestões e correções em uma prévia versão do manuscrito e à Assistente de Pesquisa Científica e Tecnológica Yara Cristina Marcondes pela revisão gramatical do artigo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BARRETT, W. H. G.; GOLFARI, L. Descripción de las nuevas variedades del "Pino del Caribe". **Caribbean Forester**, Rio Piedras, v. 23, p. 59-71, 1962.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília, DF: EMBRAPA; Rio de Janeiro: EMBRAPA Solos, 1999.
- ETTORI, L. C.; SATO, A. S.; SHIMIZU, J. Y. Variação genética em procedências e progênies mexicanas de *Pinus maximinoi*. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 16, n. 1, p. 1-9, 2004.
- FREITAS, M. L. M. *et al.* Estimativa de parâmetros genéticos e ganhos na seleção em *Pinus caribaea* var. *bahamensis*, aos 22 anos de idade. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 17, n. 1, p. 103-111, 2005.
- GURGEL GARRIDO, L. M. A.; ROMANELLI, R. C.; GARRIDO, M. A. O. Variabilidade genética de produção de resina, DAP e altura em *Pinus caribaea* Mor. var. *bahamensis*. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 8, p. 89-98, 1996.
- _____. *et al.* Variação genética em progênies e procedências de *Pinus caribaea* Mor. var. *bahamensis*. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 11, p. 105-121, 1999.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468 p.
- KANG, K. S. *et al.* Predict drop in gene diversity over generations in the population where the fertility varies among individuals. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 50, p. 200-205, 2001.
- LINDGREN, D.; GEA, L.; JEFFERSON, P. Loss of genetic diversity by status number. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 45, p. 52-59, 1996.
- MATHESON, A. C.; BELL, J. C.; BARNES, R. D. Breeding system and genetic structure in some Central American pine populations. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 38, p. 107-113, 1989.
- MISSIO, R. F. *et al.* Seleção simultânea de caracteres em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 66, p. 161-166, 2004.
- NAMKOONG, G. **Introduction to quantitative genetics in forestry**. Washington, D.C.: Forest Service, 1979. 342 p. (Technical Bulletin, 1588).
- RITLAND, K. Correlated matings in the partial selfer *Mimulus guttatus*. **Evolution**, San Francisco, v. 43, p. 848-859, 1989.
- 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. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 16, n. 1, p. 11-23, 2004.
- S.A.S. INSTITUTE INC. **SAS procedures guide. Version 8 (TSMO)**. Cary, 1999. 454 p.
- SANTOS, P. E. T.; MARTINI, S. L.; SANTOS, M. M. F. B. **Centro de conservação genética e melhoramento de pinheiros tropicais**. Piracicaba: IPEF, 1988. 5 p. (Circular Técnica, 161).
- SEBBENN, A. M. Tamanho amostral para conservação *ex situ* de espécies arbóreas com sistema misto de reprodução. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 15, n. 2, p. 109-124, 2003.
- _____. Variação genética em progênies de meios-irmãos de *Pinus caribaea* Mor. var. *bahamensis* Bar. et. Gol. na Região de Bebedouro, SP. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 6, p. 63-73, 1994.

SEBBENN, A. M.; VILAS BÔAS, O.; 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 de idade em Assis-SP.

SEBBENN, A. M. *et al.* Teste de progênies de polinização livre de *Pinus tecunumanii* (Eq. et Per.) Styles de San Rafael del Norte, na Região de São Simão, SP. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 7, n. 2, p. 241-251, 1995.

_____. Variação genética em procedências e progênies de *Pinus patula* ssp. *tecunumanii* no noroeste do Estado de São. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 17, n. 1, p. 1-15, 2005.

_____. Genetic variation in an international provenance-progeny test of *Pinus caribaea* Mor. var. *bahamensis* Bar. et Gol., in São Paulo, Brazil. **Silvae Genetica**, Frankfurt, 2008a. (no prelo).

SEBBENN, A. M.; VILAS BOAS, O.; MAX, J. C. M. Altas herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento em teste de progênies de polinização aberta de *Pinus elliottii* Engelm var. *elliottii* aos 25 anos de idade em Assis-SP. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 20, n. 2, p. 95-102, 2008b.

ZHENG, Y. O.; ENNOS, R.; WANG, H. R. Provenance variation and genetic parameters in a trial of *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis* and Golf. **Forest Genetics**, Zvolen, v. 1, p. 165-174, 1994.

ZHENG, Y. O.; ENNOS, R. Changes in mating system of populations of *Pinus caribaea* Morelet var. *caribaea* under domestications. **Forest Genetics**, Zvolen v. 4, p. 209-215, 1997.

_____. Genetic variability and structure of natural and domesticated populations of caribaeian pine (*Pinus caribaea* Morelet). **Theor. Appl. Genet.**, Berlin, v. 98, p. 765-771, 1999.