

INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS DE *Pinus taeda* L. COM LOCAIS NO SUL-SUDESTE DO BRASIL

Estefano Paludzyszyn Filho¹, Admir Lopes Mora², Romualdo Maestri³

RESUMO: A importância da resposta relativa diferenciada de progênies e de árvores por locais em *Pinus taeda* L. na perda de potencial genético pela seleção foi estudada no caráter volume de madeira total do tronco, em 46 progênies de meio-irmãos, em quatro locais no sul-sudeste do Brasil. As progênies foram dispostas em nove parcelas lineares, com seis plantas espaçadas em 3 m x 2 m. As análises de variância foram realizadas por local, em conjunto e por locais, dois a dois. As componentes de variância foram estimadas a partir dessas análises e por máxima verossimilhança restrita (REML). Nesse método, foram ajustados modelos estatísticos mistos para a interação das progênies x locais e preditos os valores genéticos aditivos (VG's) pela "melhor predição linear não viciada" (BLUP). A interação foi significativa nas análises de variância conjunta e por locais, dois a dois. O ajuste de modelos mistos também foi significativo pelo teste da razão de verossimilhança. A perda do potencial genético na seleção de progênies com base nas estimativas por REML foi de 3,2%. Na seleção de genitores, a perda na resposta média, pela seleção por VG's médios, em vez de VG's por locais, foi de 2,3%. Na seleção de árvores para pomares de sementes por mudas não ocorreu redução na resposta média. Para pomar clonal de dez árvores, a interação superestimou a resposta média esperada em 2%. Nessa ação de melhoramento, a seleção pelo VG médio incrementou a resposta média em 3%. Esse valor foi considerado, como a perda de potencial genético, pela não seleção pelo VG médio, quando a interação progênies x locais e/ou, o ajuste de modelos são significativos. Sugere-se, o uso do valor genético médio na seleção individual, para maximizar a resposta média esperada.

Palavras-chave: interação genótipo x ambiente, melhoramento, valores genéticos, REML, BLUP.

GENOTYPE BY ENVIRONMENT INTERACTIONS IN *Pinus taeda* L. IN SOUTH AND SOUTH-EAST BRAZIL

ABSTRACT: *Genotype x environment interactions of stem volume were investigated by assessing the variation in 46 open-pollinated loblolly pine (Pinus taeda L.) families from first-generation cloned seed orchard in four genetic trials in the south and south-east Brazil. They were used to obtain least squares and restricted maximum likelihood (REML) estimates of variance components. Familie-by-trial interaction effects were evaluated by adjusting the mixed univariate model that contained data of*

¹ Embrapa Florestas, - Caixa Postal 319 - CEP 83411-000, Colombo, PR.

² Norske-Skog - Rod. PR 151 - km 232 - CEP 84200-000, Jaguariaíva, PR.

³ Aracruz Celulose S.A. - Caixa Postal 33.1011 - CEP 29197-000 - Aracruz, ES.

two and four places tested by the likelihood ratio test. Breeding values from local data (univariate procedure) and predicted to the others sites (multivariate procedure) were obtained from best linear unbiased prediction (BLUP). The adjusted and average (obtained from local and predicted to other sites) breeding values were used to select parents and trees. The interaction effects and the adjusting of the mixed models were statistically significant, respectively, by F test and by likelihood ratio test. The loss of potential gain, sustained by not selecting the best families by site was 3.2%. For parents, the loss in mean productivity by indirect selection was respectively 2.3%. In the individual tree selection for seedling seed orchard, no loss of potential gain was observed when selection was carried by average genetic breeding values. For clonal seed orchard with the selection of ten more greater genetic breeding values trees, the interaction cause a inflation of 2% in the average productivity. In this case, the selection by average breeding values was the best procedure and may prove to be a useful tool, in selection stem volume, when genotype x environment interaction is significant.

Key words: Site environment, interaction, breeding values, REML, BLUP.

1. INTRODUÇÃO

Pinus taeda é uma das mais importantes espécies florestais em uso no sul do Brasil. A boa produtividade e a qualidade da madeira da espécie têm feito com que ela seja uma das mais procuradas para plantios. Colabora para tal o fato que as sementes vêm sendo produzidas em pomares clonais de polinização aberta, ainda que esses tenham sido estruturados com árvores selecionadas fenotipicamente. Essas árvores produzem sementes consideradas como progênies de meio-irmãos.

Progênies são entidades genéticas, por meio das quais é possível estimar a variabilidade da população de origem, bem como explicar a natureza da variação fenotípica. Para tanto, os caracteres úteis ao melhoramento são avaliados nas progênies, as quais são testadas sob delineamentos experimentais. Quando realizados em vários locais, os testes de progênies caracterizam a qualidade do ambiente e avaliam o desempenho relativo delas. Esse, quando diferenciado, revela que há interação das progênies com o local. Nesses casos, a correlação genética entre as progênies é reduzida e os parâmetros genéticos úteis à seleção são tendenciosos.

Uma das metodologias mais difundidas, pela qual se estimam parâmetros genéticos não tendenciosos é o da máxima verossimilhança restrita (REML). Essa, conjuntamente com a predi-

ção de valores genéticos pela “melhor predição linear não viciada” (BLUP), suplanta desbalanceamentos dos dados (Searle et al., 1992), comuns na pesquisa florestal. Essas metodologias são disponíveis em programas como o DFREML, versão 3.0 β (Meyer, 1998). Nesse, os componentes da variação e os valores genéticos podem ser obtidos por procedimentos uni e multivariados. No univariado, os dados podem ser ajustados por modelos mistos, com e sem ajuste para a interação. No multivariado, os dados de um caráter, avaliado em diferentes locais, podem ser analisados como mesmo caráter. Nesse caso, além do valor genético do local do teste, são preditos valores genéticos para outros locais, desde que na presença de informações de aparentados (Resende, 1999).

Esses valores, obtidos pelo agrupamento dos dados dos locais, dois a dois e/ou de forma conjunta, permitem estimar o valor genético médio do indivíduo. Além disso, a seleção genética dos indivíduos por esse valor é a resposta média em cruzamento, estimada pela média dos valores genéticos médios. Essa média é o ganho genético esperado e também, com base nela, é possível quantificar a perda do potencial genético pela seleção no programa de melhoramento, quando a interação estatisticamente significativa não é considerada.

Este estudo teve por objetivo avaliar a importância da componente da interação nas estimativas dos ganhos genéticos pela seleção de genitores e árvores para constituírem novas populações de produção de sementes. A principal questão, levantada com a análise dos dados, é se na seleção é possível ignorar a interação das progênes e dos indivíduos com os locais, sem perda do potencial genético por geração de melhoramento.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Base genética

Quarenta e seis progênes de meio-irmãos de *Pinus taeda* foram plantadas em 1991, nos municípios de Itapeva (SP), Jaguariaíva, Ventania e Sengés (PR). O delineamento experimental foi o de blocos completos casualizados, com nove repetições, contendo parcelas lineares com seis plantas, espaçadas em 3 m x 2 m. Aos seis anos de idade, foram avaliados os caracteres altura total da árvore (ALT) e o diâmetro do tronco com casca (DAP). A partir desses foi estimado o volume total de madeira da árvore (VOL) por uma das equações utilizadas pela Pisa Florestal S.A.:

$$VOL(dm^3) = e^{\{-10,5597+1,83134[LN(DAP)]+1,32746[LN(ALT)]\}}$$

e: base do logaritmo natural (LN).

2.2. Análises estatísticas

Para explicar a variação do caráter VOL foi utilizado um modelo linear estatístico, em que os efeitos foram considerados aleatórios, exceto a média geral e os blocos. Por local, a análise de variância (anova) foi realizada considerando indivíduos. De forma conjunta e por locais, dois a dois, foi realizada utilizando-se médias de progênes ajustadas. Essas análises foram processadas no programa Selegen (Resende et al., 1994).

As estimativas de variâncias e herdabilidades foram obtidas, com base nos resultados

das análises de variância, segundo a metodologia de Vencovsky (1978). A componente da interação das progênes por locais, dois a dois, foi desdobrada em simples e complexa, conforme Cockerham (1963).

Alternativamente, a variação considerando indivíduos no caráter VOL, por local, em conjunto (quatro locais agrupados) e por locais, dois a dois, foi analisada sob modelo misto. Nesse, os blocos e locais foram considerados efeitos fixos e as parcelas como efeito adicional não correlacionado. Também foram ajustados modelos contendo blocos de quatro e de dois locais, com e sem ajuste para a interação das progênes x locais. Essa foi considerada como efeito aleatório não correlacionado ao efeito genético.

As análises foram processadas pelo procedimento univariado do programa DFREML, versão 3.0 β (Meyer, 1998). Por esse procedimento foram estimadas as variâncias e as herdabilidades e preditos os valores genéticos aditivos (VG's) dos genitores e dos indivíduos pela "melhor predição linear não viciada" (BLUP), com e sem o efeito da interação.

A significância da diferença no ajuste dos modelos para o efeito da interação das progênes x locais foi avaliada pelo Teste da Razão de Verossimilhança (LRT). O valor da LRT foi comparado à função densidade de probabilidade (Tabela de Qui-quadrado) com 1 grau de liberdade (Dobson, 1990).

Adicionalmente, a variação do VOL foi analisada por locais, dois a dois, por modelo misto bivariado, conforme Resende (1999). Nesse modelo, sem ajuste para a interação, de blocos fixos e parcelas, como efeito aleatório não correlacionado, os dados do segundo local foram considerados como o efeito de um segundo caráter. As análises sob esse modelo foram realizadas pelo procedimento multivariado do DFREML e os VG's preditos por BLUP. Nesse caso, para cada indivíduo, foram preditos dois VG's, respectivamente, do local de avaliação e do local da respectiva combinação. A média do

VG do local de avaliação e dos VG's preditos para os outros locais foi considerada como o VG médio do indivíduo.

2.2.1. Correlação genética

A correlação genética entre as progênies por locais foi estimada por:

$$r_{ij} = \text{Cov}_{ij} / \sigma_{pi} + \sigma_{pj}$$

em que:

Cov_{ij} : covariância genética entre as médias das progênies nos locais i e j ;

σ_{pi}^2 ; σ_{pj}^2 : variância genética das progênies nos locais i e j .

2.3. Perda de potencial genético desconsiderando a interação

2.3.1. Na seleção de progênies

A perda do ganho potencial genético pela seleção de progênies, se a interação for ignorada, foi estimada conforme Matheson & Raymond (1984):

$$C_f = 1 - [(\sigma_e^2 + \sigma_p^2)^{1/2} / (\sigma_e^2 + \sigma_{ga}^2 + \sigma_p^2)^{1/2}] \cdot 100$$

em que:

σ_e^2 : variância do erro;

σ_p^2 : variância genética de progênies da análise conjunta dos quatro locais;

σ_{ga}^2 : variância de interação.

2.3.2. Na seleção de genitores

Os progressos genéticos esperados no VOL da nova população, em valores absolutos e em percentual da média local e geral, pela seleção de genitores, foram estimados com base na média dos valores genéticos aditivos de 20 genitores selecionados.

2.3.3. Na seleção de árvores para formar pomares de sementes por mudas

Foram selecionadas entre 16 a 17 árvores de maior VG por bloco, de diferentes progênies em cada local. A média dos VG's das 150 árvores foi considerada o progresso genético esperado por local. Desse valor, foi subtraída a média do VG médio das mesmas 150 árvores por local. A diferença entre as médias por local e da resposta média foi considerada a perda do potencial genético, por ignorar a interação da árvore com o local de teste.

2.3.4. Na seleção de árvores para formar pomares clonais

A resposta média esperada na seleção das dez árvores de maior VG dos quatro locais foi estimada com base no modelo sem ajuste para a interação. Dessa resposta foi subtraída a resposta média esperada, obtida pela média dos VG's das mesmas dez árvores. Esses foram preditos pelo modelo ajustado para blocos (36) e para a interação. A diferença entre as médias foi computada como a inflação da interação, na estimativa do progresso genético. A perda de potencial genético na seleção foi obtida pela diferença entre a resposta média das árvores (dez) de maior VG do modelo ajustado à interação e das árvores (dez) selecionadas pelo maior VG médio.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Médias e estimativas de parâmetros genéticos por locais

As estimativas de VOL por árvore e os parâmetros genéticos dos quatro locais são apresentados na Tabela 1. Verifica-se que a maior média de VOL foi no local Jaguariáiva. Isso pode ser explicado pelo fato de ter havido maior precipitação acumulada no período entre o plantio e a avaliação (11.748 mm) e de menor temperatura média anual (17,7°C). Por sua vez, isso representa, em relação ao local Senegés, 7% a mais de volume de água sob temperatura média anual 11% menor. Situações se-

melhantes a essa foram relacionadas à maior produtividade em volume de madeira na espécie por Lockaby & Caulfield (1989) e por McNulty et al. (1996).

Na mesma tabela, verifica-se que as diferenças entre progênies no caráter VOL dos quatro locais, avaliadas pelo teste F, foram significativas. Isso indica a existência de variabilidade genética entre elas e a possibilidade delas serem melhoradas pela seleção. No entanto, o quanto o VOL pode ser melhorado pela seleção é indicado pela herdabilidade no sentido restrito.

Esse parâmetro foi de magnitude moderada e similar por locais e entre os métodos de estimação. Essa similaridade era esperada, devido ao desbalanceamento reduzido dos dados por progênies por locais, como enfatizam Searle et al. (1992). Entretanto, devido ao modelo de análise por local, as herdabilidades no sentido restrito podem estar superestimadas. Os valores estimados foram de magnitude maior em relação a mediana da revisão de Cornelius (1994) e do estudos de Magnussen (1995).

3.2. Estimativas da variância da interação progênies x locais

Os resultados da análise de variância conjunta dos quatro locais, considerando a média das

progênies são apresentados na Tabela 2. Verifica-se que os efeitos de progênies, locais e interação progênies x locais foram altamente significativos. Também a Razão de Verossimilhança Restrita (LRT) foi significativa (Tabela 3). Esses resultados indicam que o agrupamento de dados de VOL não pode ser realizado, desconsiderando o efeito da interação das progênies x local.

Observa-se também, na Tabela 3, que a magnitude da variância de progênies é menor no modelo ajustado para a interação, o que indica que o modelo que incluiu o efeito de ambiente comum melhorou significativamente o ajuste dos dados. Esses resultados revelam o comportamento diferenciado das progênies nos quatro locais em que foi realizada a avaliação do volume na idade de seis anos e indicam que a seleção de genitores e árvores deva ser realizada para atender às necessidades específicas dos locais. Isso, embora resulte na melhor resposta média, é desvantajoso ao programa de melhoramento.

Tabela 1. Volume médio de madeira total do tronco por árvore, de progênies de *Pinus taeda* em quatro locais e parâmetros estimados a partir da anova (quadrados mínimos) e por máxima verossimilhança restrita.

Table 1. Average volume of total stem wood per tree of *Pinus taeda* progenies in four sites and estimated parameters through ANOVA and restricted maximum likelihood

Locais	VOL (dm ³)	Quadrados mínimos			Máxima verossimilhança restrita	
		QM de progênies	⁽²⁾ σ_p^2	⁽³⁾ h^2	⁽²⁾ σ_p^2	⁽³⁾ h^2
Jaguariaíva	87,2	⁽¹⁾ 972,661	84,835	0,28	80,283	0,27
Sengés	49,4	⁽¹⁾ 459,622	37,340	0,29	37,616	0,29
Ventania	69,9	⁽¹⁾ 1091,858	98,312	0,34	95,034	0,31
Itapeva	69,4	⁽¹⁾ 791,294	71,242	0,28	70,436	0,28

¹ Significativo (P<0,01)

² Variância genética de progênes

³ Herdabilidade no sentido restrito.

Tabela 2. Significância do efeito da interação de progênes x locais pela análise de variância conjunta das avaliações de volume de madeira do tronco em quatro locais.

Table 2. *Effect of progenes x site interaction through variance analysis of stem wood volume evaluation in four sites*

Fontes de variação	GL	Quadrados médios ⁽³⁾	Variâncias
Progênes	45	⁽¹⁾ 2346,955	56,226
Progênes x locais	135	⁽¹⁾ 322,827	17,988
Resíduo médio	1440	⁽²⁾ 160,937	

¹Significativo (P<0,01)

² Média ponderada dos resíduos dos quatro locais

³ Médias de progênes (QM x n^o de blocos).

Tabela 3. Componentes de variâncias e função de verossimilhança (Log e L) estimados por REML a partir de modelo misto, com e sem ajuste para o efeito da interação. Significância pelo teste de razão de verossimilhança restrita (LRT).

Table 3. *Variance components, function of maximum likelihood (Log e L) estimated by REML on data pooled across sites and significance tested by likelihood ratio test (LRT)*

Parâmetros	Sem ajuste para a interação	Com ajuste para a interação
Variância de progênes	59,415	55,257
Variância da interação	..	3,815
Variância do erro	181,334	184,580
Log e L	-36675,614	-36690,024
LRT	⁽¹⁾ 28,82	
⁽²⁾ λ	6,63	

¹Significativo (P<0,01)

²Função densidade de probabilidade (Tabela do Qui-quadrado).

O efeito da interação das progênes x locais, por locais dois a dois, foi decomposto para avaliar a natureza dele. Constata-se, na Tabela 4, que a parte complexa predominou em todas as combinações de locais sendo de maior magnitude, quando o local Sengés era ausente. Nessa condição, a interação (simples) foi devido, em parte, à mudança na variabilidade de uma progênie de um local para outro. Porém, em nenhuma

das combinações a falta de correlação genética entre progênes explica a maior participação da interação complexa que, nesses casos, pode ser atribuída à magnitude das variâncias genéticas em cada local.

Na mesma tabela, a LRT foi significativa para as combinações de locais, dois a dois. Isso indica que o agrupamento de dados de VOL não pode ser realizado desconsiderando o efeito da

interação das progênes x local. Desse modo, a seleção de genitores e ou árvores dos testes de progênes deve ser realizada pelos dados de cada local. Em conseqüência, o programa de melhoramento não pode ser formado por apenas uma população de genitores e por um pomar de sementes por mudas, que maximizem a resposta média por ciclo de seleção. Isso, devido à perda de potencial genético pela seleção de genótipos com desempenho médio.

3.3. Perdas de potencial genético não considerando a interação

A significância estatística não é o fator que determina a importância prática da interação na seleção, segundo Matheson & Raymond (1986). Para eles, mais adequado é estimar a perda do potencial de progresso genético, pela não seleção de genótipos de melhor desempenho por local, preferindo aqueles de melhor resposta média. Essa estimativa auxilia na

adoção de diferentes estratégias no programa de melhoramento.

3.3.1. Seleção de progênes

Verificou-se, pela metodologia de Matheson & Raymond (1984), que o potencial de progresso genético não aproveitado na seleção de progênes foi, respectivamente, de 3,9% e de 3,2%, para estimativas de médias (Anova) e de indivíduos (REML). Segundo os mesmos autores, valores como os estimados indicam que a interação progênes por locais pode ser desconsiderada na seleção de progênes.

3.3.2. Seleção de genitores

O ganho genético esperado pela seleção de 20 genitores pelo valor genético aditivo (VG) por local, em valores absolutos e em percentual da média dos locais, a que se referem os progressos, são encontrados na Tabela 5. Verifica-se que

Tabela 4. Decomposição da interação por locais, dois a dois e parâmetros estimados por quadrados mínimos e máxima verossimilhança restrita

Table 4. Decomposition of interaction per site, two by two estimated through minimum least squares and restricted maximum likelihood

Locais	Quadrados mínimos				REML	
	Interação (%)		Parâmetros		LRT	$\sigma_{ga}^2(ii')$
	Simples	Complexa	⁽³⁾ $\sigma_{ga}^2(ii')$	⁽⁴⁾ $r_g(ii')$		
Sengés/Itapeva	28	72	9,550	0,87	⁽¹⁾ 6,34	11,241
Sengés/Jaguariaíva	47	53	10,172	0,90	⁽¹⁾ 5,35	10,352
Sengés/Ventania	35	65	20,664	0,78	⁽²⁾ 15,26	20,020
Itapeva/Jaguariaíva	1	99	21,601	0,73	⁽²⁾ 12,42	19,116
Itapeva/Ventania	6	94	19,130	0,78	⁽²⁾ 10,26	18,995
Jaguariaíva/Ventania	1	99	19,123	0,79	⁽²⁾ 7,83	18,814

¹ Significativo (P<0,01)

² Significativo (P<0,05)

³ Variância da interação entre locais i e i'

⁴ Correlação genética entre médias das progênes nos locais i e i' .

Tabela 5. Progressos genéticos esperados em valores absolutos na seleção de 20 genitores por valores genéticos aditivos preditos por BLUP com base em modelos mistos com e sem ajuste para o efeito da interação progênes x locais

Table 5. *Expected genetic progress in absolute values in the selection of 20 parents based on mixed models with and without adjustment*

Seleção por VG's do modelo ⁽¹⁾	Progresso genético esperado (dm ³ /árvore)				
	Sengés	Itapeva	Jaguariaíva	Ventania	Médio
Sem ajuste — seleção direta	9,8	13,1	14,3	15,1	13,1
Com ajuste — seleção indireta	7,9	10,4	12,6	13,8	11,2

¹ Intensidade de seleção de 43%.

o progresso direto (seleção pelos dados e progresso, no mesmo local) foi de 9,8 a 15,1 dm³/árvore por árvore, contra 7,9 a 13,8 dm³/árvore, esperados pela seleção pela média dos VG's dos quatro locais. Esses resultados indicam perdas de potencial genético de 1,5% a 3,3% na média de VOL por local. Na resposta média, a perda de potencial genético pela seleção foi de 2,3%.

Desses resultados, conclui-se que a seleção de genitores específicos por local não contribui expressivamente à resposta média. A diferença do progresso genético médio esperado pela seleção direta (seleção por local) e indireta (resposta média) revela que a interação das progênes x local pode ser desconsiderada na seleção de genitores. Isso é vantajoso ao programa de melhoramento pela diminuição de custos operacionais envolvidos na produção de sementes.

3.3.3. Seleção de árvores para pomar por mudas

A transformação de testes de progênes, em unidades de produção de sementes e/ou de melhoramento, é uma alternativa disponível de aproveitamento deles. Verifica-se, na Tabela 6, que as diferenças entre os progressos esperados

no VOL, quando a seleção é realizada pelo VG local e pelo VG médio, são de magnitude reduzida. Como exemplo, o ganho direto pela seleção no local Sengés (15,95 dm³/árvore) menos o ganho estimado pela média dos VG's médios (15,75 dm³/árvore) representa o potencial de ganho genético perdido na seleção de indivíduos (0,2). Esse valor e os outros positivos, apresentados na Tabela 6, são menores que os estimados por McKeand et al. (1997) na seleção individual de árvores (1%). Por sua vez, os negativos da mesma tabela indicam que o valor genético aditivo dos indivíduos selecionados foi melhor estimado pelo VG médio. Vale ressaltar que o índice de coincidência de árvores selecionadas pelos procedimentos foi de 85%.

Esses resultados indicam que a estruturação de um pomar de sementes por mudas pelo desempenho médio projetado para todos os locais de avaliação proporciona ganhos genéticos equivalentes ao da seleção por VG's dos locais. Nesse caso, o efeito significativo da interação de progênes x locais em indivíduos pode ser desconsiderado na seleção sem perdas de potencial genético. Além disso, do ponto de vista operacional do programa de melhoramento, torna-se

possível misturar as sementes dos quatro pomares sem prejuízos à resposta média.

3.3.4. Seleção de árvores para pomar clonal

Na Tabela 7 observa-se que o progresso esperado na seleção de dez árvores de maior VG foi de 33,0 dm³/árvore pelo modelo sem ajuste para a interação. Pelo modelo ajustado, a média dos VG's das mesmas dez árvores resultou no progresso de 30,8 dm³/árvore. A diferença entre os ganhos esperados (2,2 dm³/árvore), que equivale à perda de 2% na resposta média, é o efeito da inflação dos VG's pela interação dos genótipos com os locais.

Na mesma tabela verifica-se que a seleção de dez árvores de maior VG médio resultou no progresso genético esperado de 34,0 dm³/árvore. Nesse caso, a resposta média esperada será 3% superior à da resposta média da seleção indireta. Ressalta-se que o índice de coincidência entre árvores selecionadas pelo maior VG (modelo com/sem ajuste) e pelo VG médio foi de 50%. Esses resultados indicam que a seleção pelo VG médio assegura uma resposta média superior à da seleção individual por VG's de modelos com/sem ajuste para a interação. Isso ocorre, uma vez que as estimativas por modelos bivariados são mais precisas, devido às melhores relações entre os dados (Meyer, 1991).

Tabela 6. Diferenças entre médias esperadas em valor absoluto pela seleção de árvores nos testes de progênies por valores genéticos aditivos do local do teste e médio¹.

Table 6. Difference between expected averages, in absolute values by tree selection in progeny tests

Locais de seleção	Diferença entre progressos devidos a seleção direta e indireta (dm ³ /árvore)				Média das diferenças
	Sengés	Itapeva	Jaguariaíva	Ventania	
Sengés	0,2	-0,8	-0,9	0,2	-0,3
Itapeva	0,1	0,1	-0,3	-0,5	-0,2
Jaguariaíva	0,1	0,1	0	-0,2	0
Ventania	-0,2	0,2	-0,2	0,1	0

¹Média dos VG do local de avaliação e dos preditos para os outros locais;

²Intensidade de seleção de 6%.

Tabela 7. Maximização do ganho genético em pomares clonais pela seleção de árvores por valores genéticos aditivos dos testes de progênies

Table 7. Maximization of genetic gain in clonal orchard through tree selection by genetic values

Seleção	Modelo estatístico quanto a interação progênies x locais	Progresso genético esperado e intervalo de confiança (dm ³ /árvore)
Dos maiores VG's	Sem ajuste	33,0 (30,0-35,1)

independente do local	Ajustado	30,8 (27,8-33,6)
VG médio ⁽¹⁾	Sem ajuste	34,0 (31,0-36,7)

¹Média entre o VG do local de avaliação e os preditos para outros locais dos testes.

4. CONCLUSÕES

A melhor condição ambiental (menor temperatura e maior precipitação pluviométrica) favoreceu o desenvolvimento de *Pinus taeda* em Jaguariaíva.

A interação progênies x locais foi significativa na análise conjunta e na de locais, dois a dois, por ambos os métodos de estimação.

A herdabilidade no sentido restrito foi de magnitude moderada. A similaridade das magnitudes entre os métodos de estimação foi devido ao reduzido desbalanceamento dos dados.

A estimativa da perda do potencial genético de progênies na seleção, ao se ignorar o efeito da interação, foi abaixo do considerado crítico.

A seleção de genitores pelo comportamento médio das progênies nos quatro locais pela média dos VG's não resultou na perda de expressivo potencial genético.

A resposta média, pela seleção de árvores para formar pomares de sementes por mudas por valores genéticos aditivos médios, foi similar à resposta média da seleção direta.

O progresso genético esperado por geração de melhoramento foi maximizado na formação de pomares clonais, quando a seleção foi pelo valor genético médio.

A interação das progênies por locais, estatisticamente significativa, foi ignorada na seleção de genitores e na seleção de árvores, sem perda expressiva do potencial genético. Em consequência, o custo operacional da produção de sementes poderá ser reduzido.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

COCKERHAM, C. C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F. (Ed.). **Statistical Genetics and Plant**

Breeding. Washington: National Academy of Sciences, 1963. p.164-196.

CORNELIUS, J. Heritabilities and additive genetic coefficients of variation in forest trees. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v. 24, n. 2, p. 372-379, Feb. 1994.

DOBSON, A. J. **An introduction to generalized linear models**. Melbourne: Chapman e Hall, 1990. 174 p.

LOCKABY, B. G.; CAUFIELD, J. P. Geographic gradients in loblolly pine site productivity and related environmental factors. **Southern Journal of Applied Forestry**, Washington, v. 13, n. 2, p. 72-76, May 1989.

MAGNUSSEN, S. The impact of genetic variation in relative growth rates on stem volume differentiation: a simulation study. **Silvae Genetica**, Berlin, v. 44, n. 4, p. 194-205, 1995.

MATHESON, A. C.; RAYMOND, C. A. A review of provenance x environment interaction. Its practical importance and use with particular reference to the tropics. **Commonwealth Forest Review**, Oxford, v. 65, n. 4, p. 283-302, Apr. 1986.

MATHESON, A. C.; RAYMOND, C. A. The impact of genotype x environment interactions on Australian *Pinus radiata* breeding programs. **Australian Forest Research**, Collingwood, v. 14, n. 1, p. 11-25, 1984.

McCNULTY, S. G.; VOSE, J. M.; SWANK, W. T. Loblolly pine hydrology and productivity across the southern United States. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 86, n. 1/3, p. 241-251, Oct. 1996.

McKEAND, S. E.; ERICKSSON, G.; ROBERDS, J. H. Genotype by environment interaction for index traits that combine growth and wood density in loblolly pine. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v. 94, n. 8, p. 1015-1022, June 1997.

MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genetique, Selection, Evolution**, Paris, v. 23, p. 67-83, 1991.

MEYER, K. **DFREML** - Version 3.0 - user notes. Armidale, Australia: Institute of Animal Genetics of Edinburgh-Scotland/Animal Genetics and Breeding Unit of the University of New England, 1998. p. 31.

RESENDE, M. D. V. de. **Predição de valores genéticos, componentes de variância,**

delineamentos de crescimento e estrutura de populações no melhoramento florestal. 1999. 434 p. Tese (Doutorado em Genética) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

RESENDE, M. D. V. de; OLIVEIRA, E. B. de; MELINSKI, L. C.; GOULART, F. S.; OAIDA, G. R. **Selegen – seleção genética computadorizada** – manual do usuário. Curitiba: Embrapa Florestas, 1994. p. 31.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C. E. **Variance components.** New York: J. Wiley, 1992. 528 p.

VENCOVSKI, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Coord.). **Melhoramento e produção de milho no Brasil.** Piracicaba: Fundação Cargill, 1978. p. 122-201.