

POLIANA COQUEIRO DIAS

**Avaliação genética de clones de *Pinus taeda* propagados via
embriogênese somática**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Ciência Florestal, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2013

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV

T

D541a
2013

Dias, Poliana Coqueiro, 1986-

Avaliação genética de clones de *Pinus taeda* propagados via
embriogênese somática / Poliana Coqueiro Dias. – Viçosa, MG,
2013.

xi, 89f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Aloísio Xavier.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. *Pinus taeda* - Melhoramento genético. 2. Genética florestal. 3. Melhoramento genético. 4. *Pinus taeda* - Seleção. 5. Embriogênese somática. 6. Florestas. 7. Clonagem.
- I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Engenharia Florestal. Programa de Pós-Graduação em Ciência Florestal.
II. Título.

CDO adapt. CDD 634.91653

POLIANA COQUEIRO DIAS

**Avaliação genética de clones de *Pinus taeda* propagados via
embriogênese somática**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Ciência Florestal, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 04 de outubro de 2013.

Marcos Deon Vilela de Resende
(Coorientador)

Ismael Eleotério Pires
(Coorientador)

José Maria Moreira Dias

Rogério Luiz da Silva

Aloisio Xavier
(Orientador)

À minha família, especialmente aos meus pais
José da Silva Dias (meu herói) e
Evânia Pinheiro Coqueiro Dias (mulher de aço e de flor).

Às minhas irmãs/filhas
Renata Coqueiro Dias e Jouse Eliane Coqueiro Dias.

“Somos felizes em estarmos aqui. Fazendo deste aqui o nosso lugar. Trazendo para este lugar sonhos e realidades que através da nossa humildade construímos um alicerce que amanhã solidificará a nossa permanência por aqui.”

Chiquinho da Floresta

AGRADECIMENTOS

A Deus, Pai misericordioso e Senhor de todas as coisas.

À minha família, pelo apoio, pelo amor, pela compreensão e por ser meu porto.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Florestal, pela oportunidade deste treinamento.

À Capes (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior), pela concessão da bolsa de estudo.

À empresa Klabin S. A., por ter cedido a base de dados para realização dos estudos.

Ao Professor Aloisio Xavier, pela orientação, por todos os ensinamentos transmitidos e por ajudar na construção da profissional que hoje sou.

Ao Pesquisador Marcos Deon Vilela de Resende, pelo apoio constante, orientação no desenvolvimento deste trabalho, amizade e palavras de sabedoria.

Aos professores Ismael Eleotério Pires e Márcio Henrique Pereira Barbosa, pela coorientação.

Aos funcionários e amigos do Departamento de Engenharia Florestal da UFV, em especial Sebastião (meu pai em Viçosa) e Francisco (Chiquinho da Floresta), pelo apoio, carinho e amizade.

Aos meus amigos William, Leandro, Luiz Marcos, Aninha, Robertinha, Anne e Vanessa, pelo companheirismo, conselhos, momentos descontraídos e felizes.

Às minhas intercessoras Fátima e Isabel, presentes em todos os momentos com carinho de mãe, enxugando minhas lágrimas e acalmando meu coração.

Às Irmãs Oblatas de Nazaré e a todas as crianças do CEI Santa Rita, em especial todas aquelas do berçário, que foram fonte de motivação, amor, carinho e renovação. Estas pessoas me ensinaram que a felicidade se encontra nas pequenas coisas.

BIOGRAFIA

POLIANA COQUEIRO DIAS, filha de José da Silva Dias e Evânia Pinheiro Coqueiro Dias, nascida em 09 de agosto de 1986, na Fazenda Gameleira, Aracatu, BA.

Em 1991, foi alfabetizada por sua mãe na Escola Municipal Cantinho Feliz, na Fazenda Umburanas, Aracatu, BA.

Em 2004, concluiu o 2^o grau na Escola Estadual Luiz Eduardo Magalhães, em Vitória da Conquista, BA.

Em 2009, diplomou-se Engenheira Florestal pela Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, em Vitória da Conquista, BA.

Em julho de 2009, ingressou no Programa de Pós-Graduação, em nível de mestrado, em Ciência Florestal, na área de Concentração em Silvicultura, na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG, defendendo a dissertação em julho de 2011.

Em agosto de 2011, ingressou no Programa de Pós-Graduação, em nível de doutorado, em Ciência Florestal, na área de Concentração em Silvicultura, na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG, submetendo-se à defesa de tese em outubro de 2013.

SUMÁRIO

RESUMO	viii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. <i>Pinus taeda</i>	4
2.2. Melhoramento genético de <i>Pinus taeda</i>	5
2.3. Seleção genética	8
2.4. Seleção precoce	10
2.5. Interação “ <i>genótipo x ambiente</i> ”	11
2.6. Formas de propagação	13
2.7. Embriogênese somática em <i>Pinus taeda</i>	16
REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA	20
Avaliação genética de clones de <i>Pinus taeda</i> provenientes de embriogênese somática e sua interação “<i>genótipo x ambiente</i>”	28
RESUMO	28
1. INTRODUÇÃO	29
2. MATERIAL E MÉTODOS	31
2.1. Área experimental e germoplasma utilizado	31
2.2. Delineamento experimental	32
2.3. Coleta de dados	32
2.4. Estimativas de parâmetros genéticos e estatísticas	33
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	34
3.1. Avaliação em cada local	34
3.2. Avaliação conjunta de locais	38
3.3. Ganhos genéticos	41
3.4. Estabilidade e adaptabilidade	43
4. CONCLUSÕES	46
REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA	47
Correlação genética juvenil-adulta em clones de <i>Pinus taeda</i> propagados via embriogênese somática	51
RESUMO	51
1. INTRODUÇÃO	52
2. MATERIAL E MÉTODOS	54
2.1. Área experimental e germoplasma utilizado	54
2.2. Delineamento experimental	54
2.3. Coleta de dados	55

2.4. Estimativas de parâmetros genéticos e estatísticas	55
2.5. Correlação genética entre diferentes idades	56
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	57
3.1. Avaliação dos parâmetros genéticos	57
3.2. Correlação genética	58
3.3. Correlação genética entre diferentes idades	60
4. CONCLUSÕES	66
REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA	66
Parâmetros genéticos para a capacidade de propagação de <i>Pinus taeda</i> por embriogênese somática	71
RESUMO	71
1. INTRODUÇÃO	72
2. MATERIAL E MÉTODOS	73
2.1. Área experimental e germoplasma utilizado	73
2.2. Coleta de dados	75
2.3. Estimativas de parâmetros genéticos e estatísticos	76
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	77
4. CONCLUSÕES	84
REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA	84
CONCLUSÕES GERAIS	88

RESUMO

DIAS, Poliana Coqueiro, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, outubro de 2013. **Avaliação genética de clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática.** Orientador: Aloisio Xavier. Coorientadores: Marcos Deon Vilela de Resende, Ismael Eleotério Pires e Márcio Henrique Pereira Barbosa.

Objetivou-se com o presente trabalho, realizar a avaliação genética de *Pinus taeda* propagado por embriogênese somática implantado em teste clonal. De forma específica, objetivou-se estimar a correlação genética entre idades de seleção (juvenil-adulta), eficiência da seleção precoce para as características altura, diâmetro e volume, eficiência da embriogênese somática na propagação de genótipos com bons ganhos de seleção e avaliar a capacidade de propagação de famílias de *Pinus taeda* por embriogênese somática, utilizando estimativas de parâmetros genéticos. O estudo foi realizado por meio de análise genético-estatística de uma rede experimental de clones de *Pinus taeda*, composta por 238 clones propagados via embriogênese somática. Os dados dos caracteres diâmetro(*dap*), altura total, volume e sobrevivência foram obtidos nas idades de 1, 3 e 4 anos, em quatro testes clonais, sendo dois localizados no Estado do Paraná e dois em Santa Catarina. As análises genético-estatísticas foram realizadas pelo procedimento de estimação de componentes de variância via máxima verossimilhança residual (Reml) e de predição de valores genéticos via melhor predição linear não viesada (Blup), usando o software Selegen-Reml/Blup. As correlações genéticas entre idades juvenis e idade de rotação foram realizadas aplicando o modelo linear desenvolvido por Lambeth (1980). Os resultados indicam que, devido à alta magnitude da interação “*genótipo x ambiente*”, faz-se necessária a seleção de clones específicos para os diferentes ambientes. Com base nos valores de acurácia e da correlação genotípica por ambientes (rgloc), observou-se que a seleção para o caráter volume deve ser praticada no quarto ano. Na seleção simultânea para estabilidade e adaptabilidade, o ganho genético é de 10% em relação à média das testemunhas comerciais. Esse ganho estimado é um indicativo de que a técnica de embriogênese somática está sendo eficiente na propagação de clones com bons potenciais produtivos. Segundo os resultados do modelo estabelecido para correlação entre idades juvenil-adulta, a seleção precoce pode ser feita em clones de *Pinus taeda* com alta eficiência. As idades de 4 a 6 anos são suficientes para selecionar clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática para colheita aos 8 e 12 anos, e as idades de

6 a 10 anos são suficientes para selecionar para a colheita aos 20 anos. Há variabilidade genética e possibilidade de ganhos genéticos altos pela seleção entre famílias para os caracteres presença de embriões somáticos e número de clones por famílias de *Pinus taeda* destinadas à embriogênese somática. Há baixa ou nenhuma correlação genética entre o número de clones propagados via embriogênese somática e as características altura, diâmetro, sobrevivência e volume avaliados aos quatro anos de idade em testes clonais. Concluiu-se que a embriogênese somática de *Pinus taeda* foi capaz de propagar clones com bons potenciais produtivos para características de crescimento. A seleção precoce pode ser feita nos clones propagados via embriogênese somática de *Pinus taeda*, a partir dos quatro anos, com boa eficiência de seleção. Há maior ganho genético para capacidade de propagação por embriogênese somática com a seleção de famílias de *Pinus taeda*.

ABSTRACT

DIAS, Poliana Coqueiro, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, October, 2013. **Genetic evaluation of *Pinus taeda* clones propagated via somatic embryogenesis.** Adviser: Aloisio Xavier. Co-advisers: Marcos Deon Vilela de Resende, Ismael Eleotério Pires and Márcio Henrique Pereira Barbosa.

This study aimed to perform genetic evaluation of individuals from families of *Pinus taeda* propagated via somatic embryogenesis deployed in a clonal test. In specific terms, the objective was to estimate the genetic correlation among ages of selection (youth-adult), early selection efficiency for the characteristics of height, diameter, and volume, and to evaluate the capability of spreading *Pinus taeda* families by somatic embryogenesis using estimates of genetic parameters. This study was carried out by genetic-statistics analysis of a experimental network of *Pinus taeda* clones, comprising 238 clones propagated via somatic embryogenesis. Diameter, height, volume, and survival characters were obtained at ages of 1, 3, and 4 years in four clonal tests, two located in the State of Paraná and two in the State of Santa Catarina. Genetic and statistical analyses were performed by estimation of variance components via residual maximum likelihood (Reml) and prediction of breeding values via best linear unbiased prediction (Blup) using the Selegen-Reml/Blup software. Genetic correlations between youth ages and rotation age were performed applying the linear model developed by Lambeth (1980). Results indicate that selection of specific clones for different environments is necessary due to the high magnitude of Genotype x environment (“gxe”). Based on the values of accuracy and genetic correlations across environments (rgloc), it is observed that the selection by volume character should be practiced at the fourth year. With the simultaneous selection by stability and adaptability, genetic gain is 10% compared to the average commercial controls. This estimated gain is an indication that the somatic embryogenesis technique is efficient in clonal propagation with good yield potential. According to results of an established model for correlation between juvenile-adult ages, the early selection can be performed in *Pinus taeda* clones with high selection efficiency. Ages 4-6 years are sufficient to select *Pinus taeda* clones propagated via somatic embryogenesis for cuts at 8 and 12 years; ages 6-10 years are sufficient to be selected for cutting at 20 years. There are genetic variability and possibility of high genetic gain by selection among families for the somatic embryos presence and number of somatic clones by *Pinus taeda* families designed to somatic

embryogenesis. There is little or no genetic correlation between the number of clones propagated via somatic embryogenesis and height, diameter, survival, and volume evaluated at four years of age in clonal tests. It is concluded that somatic embryogenesis of *Pinus taeda* family was able to propagate clones with good productive potentials for growth characteristics. Early selection can be performed in somatic clones of *Pinus taeda* from four years with good selection efficiency. There is greater genetic gain for the ability to propagation via somatic embryogenesis selecting *Pinus taeda* families.

1. INTRODUÇÃO GERAL

No Brasil, os plantios com *Pinus taeda* abrangem, aproximadamente, um milhão de hectares, destinados à produção de celulose e papel e à indústria madeireira (SHIMUZI, 2008; ABRAF, 2013). É uma das espécies florestais mais plantadas no Sul do país, alcançando incrementos médios anuais (IMA) superiores a $40 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \cdot \text{ano}$ aos 18 anos e níveis de produtividade entre os maiores do mundo para a espécie (ABRAF, 2013). O crescente aumento de produtividade observado em plantios de *Pinus taeda* tem sido atribuído, principalmente, ao material geneticamente superior, proveniente de programas de melhoramento genético (MCKEAND et al., 2006; MARTINEZ et al., 2012).

Tendo em vista os impactos positivos dos programas de melhoramento genético de *Pinus* sobre a produção de matéria-prima adequada à fabricação de celulose de fibra longa (MCKEAND et al., 2006; MARTINEZ et al., 2012), sua implementação nas empresas é fundamental para o crescimento da produtividade. Considerando as limitações de ganhos genéticos nos programas tradicionalmente desenvolvidos via seminífera, a clonagem tende a ter um papel importante na consolidação da competência das indústrias brasileiras neste mercado.

Embora apresentando sistema reprodutivo alógamo, sem presença de autofecundação (SHIMIZU, 2008), o *Pinus taeda* vem sendo propagado em escala comercial pela via seminífera. Por esta razão, a produção de mudas utilizando este processo tem limitado a produção pela ocorrência de grande variação genotípica, prejudicial à uniformidade e produtividade silvicultural (SHIMIZU, 2006). Os resultados obtidos até o momento indicam que a clonagem de espécies como o *Pinus taeda* é viável e pode ser incorporada aos programas de melhoramento genético com benefícios consideráveis na quantidade e qualidade da matéria-prima, maior uniformidade das plantações e redução do tempo entre a seleção de indivíduos melhorados e o uso na produção comercial (ALFENAS et al., 2009; XAVIER et al., 2013). Entretanto, métodos eficientes de propagação clonal devem ser estabelecidos em função dos objetivos, espécie e recursos financeiros disponíveis.

Em *Pinus*, as técnicas de propagação vegetativa via estaquia e miniestaquia, tradicionalmente utilizadas na clonagem de *Eucalyptus*, apresentam baixa aplicabilidade, decorrente principalmente das limitações impostas pela idade da planta matriz (ALCANTARA et al., 2007; 2008; ANDREJOW e HIGA, 2009;

MALABADI et al., 2011; WAHID et al., 2012), inviabilizando a utilização de clones em escala comercial (PULLMAN et al., 2003; PULLMAN e BUCALO, 2011). Como alternativa, a micropropagação por meio da embriogênese somática, a partir de sementes imaturas, tem sido desenvolvida e utilizada na clonagem de *Pinus taeda* (PULLMAN et al., 2006; ALCANTARA et al., 2008; ANDREJOW e HIGA, 2009; PULLMAN e BUCALO, 2011).

Com a aplicação da embriogênese somática, a utilização de clones, tanto nos programas de melhoramento genético, quanto nos plantios comerciais, tem sido proposta como viável, devido à utilização de propágulos juvenis (PULLMAN et al., 2006; ALCANTARA et al., 2008; ANDREJOW e HIGA, 2009; PULLMAN e BUCALO, 2011). Entretanto, a embriogênese somática deve ser utilizada de forma a auxiliar os ganhos genéticos em programas de melhoramento bem estruturados.

A integração da técnica de embriogênese somática em programas convencionais de melhoramento genético permite seleção de indivíduos com alto ganho genético, além da possibilidade de implantação mais rápida de genótipos superiores em plantios comerciais (O'NEILL et al., 2005; DEAN, 2008). Em geral, os programas de melhoramento florestal consideram os resultados de análises de correlação juvenil adulto para realizar seleção precoce, visto o longo ciclo de rotação das culturas florestais. No caso do *Pinus taeda*, estudos já realizados apresentam bons resultados com a seleção precoce (PALUDZYSZYN FILHO et al., 2002; 2003; ISIK et al.; 2005; MCKEAND et al., 2006; MARTINEZ et al., 2012).

No Brasil, clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática estão na fase de testes clonais visando à seleção de genótipos superiores. Testes clonais bem planejados são fundamentais para o sucesso de qualquer programa de melhoramento genético usando clones propagados via embriogênese somática, visto que permite estimar precisamente parâmetros genéticos como herdabilidade, variações genéticas e correlações e, assim, aumentar a confiabilidade com que o desempenho clonal pode ser previsto (DEAN, 2008; WAHID et al., 2012). Entretanto, poucos estudos têm sido realizados para estimar parâmetros genéticos de clones propagados via embriogênese somática em ensaios de campo (O'NEILL et al., 2005; DEAN, 2008; BALTUNIS et al., 2009; WAHID et al., 2012).

Objetivou-se com o presente trabalho, realizar a avaliação genética de *Pinus taeda* propagado via embriogênese somática em teste clonal. De forma específica, objetivou-se estimar:

- A variabilidade genética e a herdabilidade das características *dap*, altura, sobrevivência e volume, em três idades de avaliação e em quatro sítios nos estados do Paraná e Santa Catarina, e avaliar suas implicações nos ganhos genéticos e seleção para produtividade, considerando a interação “*genótipo x ambiente*” (estabilidade e adaptabilidade dos indivíduos);
- A correlação genética entre idades de seleção (juvenil-adulta) e eficiência da seleção precoce para as características altura, diâmetro e volume em testes clonais de *Pinus taeda* propagado via embriogênese somática;
- Os parâmetros genéticos considerando as avaliações em cada ano como colheitas independentes (medida única), ou como colheitas sucessivas (medidas repetidas);
- O controle genético e a capacidade de propagação de famílias de *Pinus taeda* por embriogênese somática, utilizando estimativas de parâmetros genéticos; e
- A eficiência da embriogênese somática na propagação de genótipos com bons ganhos de seleção.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. *Pinus taeda*

A espécie *Pinus taeda* pertence à família *Pinaceae*, com centro de origem no Golfo do México, Costa Atlântica do Sul e Sudeste dos Estados Unidos (LORENZI et al., 2003; OLIVEIRA et al., 2006). O clima da maioria das formações naturais de *Pinus taeda* é úmido, com precipitação média anual variando de 1020 a 1520 mm e temperatura média entre 13°C e 24° C (LORENZI et al., 2003). É espécie pioneira nas regiões onde ocorre naturalmente, apresentando ampla capacidade de adaptação, crescimento rápido, baixa exigência nutricional e rusticidade (AGUIAR et al., 2011).

Pinus taeda é uma espécie monoica, apresentando flores unissexuais, mas distribuídas no mesmo indivíduo, seu sistema reprodutivo é alógamo, sem a presença de autofecundação (SHIMIZU, 2008). Os grãos de pólen têm câmaras aeríferas, que lhes permitem o transporte pelo vento (polinização anemófila) (PALLARDY, 2008), sendo liberado no período de agosto a setembro no Brasil (SHIMIZU e SEBBENN, 2008). O pólen apresenta alta viabilidade quando armazenado a baixas temperaturas (-20 °C a -18 °C) e baixa umidade. As sementes também apresentam alta viabilidade quando mantidas em baixas condições de temperatura (3-5°C) e umidade (entre 6 e 10%) (PALLARDY, 2008).

Os pomares clonais de *Pinus taeda* apresentam produtividade média variando de 0,3 a 1,0 kg de sementes por árvore. As sementes são de aproximadamente 5 mm de comprimento, de coloração marrom, com marcas negras e com alas de até 25 mm (LORENZI et al., 2003; BOGNOLA et al., 2008). Suas acículas são de cor verde-escura, com 15 a 20 cm de comprimento, reunidas em fascículo de três em três, e seus cones femininos apresentam de 7 a 15 cm de comprimento, oblongos e cilíndricos, abrindo-se quando maduros, persistentes e dotados de escamas espinhosas (LORENZI et al., 2003).

A principal praga desta cultura é a vespa-da-madeira, porém, com o avanço das pesquisas, tem sido facilmente controlada com o uso do controle biológico (SHIMIZU, 2006; SHIMIZU e SEBBEN, 2008).

Nas condições brasileiras, o *Pinus taeda* se adaptou a solos moderadamente ácidos, que constituem a maioria dos solos do país, permitindo a implantação de extensas áreas que, juntamente com a adoção de práticas silviculturais adequadas,

tornou esta espécie importante fonte de matéria-prima florestal (KRONKA et al., 2005).

No Brasil, os estados potencialmente aptos para o cultivo de *Pinus taeda*, com condições térmicas e hídricas satisfatórias para o bom desenvolvimento da espécie, são Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Paraná e parte do Estado de São Paulo (KRONKA et al. 2005; SHIMIZU e SEBBENN, 2008). Nessas regiões, os plantios de *Pinus taeda* abrangem, aproximadamente, um milhão de hectares para produção de celulose, papel, madeira serrada, chapas e madeira reconstituída (SHIMUZI, 2008; ABRAF, 2013). A madeira dessa espécie também pode ser utilizada na fabricação de móveis, barcos, dormentes, postes, construção civil e na extração de resina (breu e terebintina) (LORENZI et al., 2003; ALCÂNTARA et al., 2007).

No Sul do Brasil, é uma das espécies florestais mais plantadas, alcançando incrementos médios anuais (IMA) superiores a $40 \text{ m}^3\text{ha}^{-1}\text{.ano}$ aos 18 anos e níveis de produtividade entre os maiores do mundo para a espécie (ABRAF, 2013), podendo chegar a $45 \text{ m}^3\text{ha}^{-1}\text{.ano}$ ou mais com a aplicação das tecnologias de clonagem via embriogênese somática e enraizamento de miniestacas (AGUIAR et al., 2011). Comparando volumes obtidos em desbastes, Schultz (1997) relata que, no Estado de Santa Catarina, *Pinus taeda* produziu $69,3 \text{ m}^3$ aos 9 anos e $132,3 \text{ m}^3$ aos 14 anos, enquanto no Estado da Carolina do Sul, nos Estados Unidos, $69,3 \text{ m}^3$ só foi alcançado aos 15 anos de idade, por ocasião do primeiro desbaste.

Os altos níveis de produtividade das florestas comerciais de *Pinus taeda* no Brasil são devidos, principalmente, ao melhoramento genético que vem sendo conduzido desde a década de 60 (PALUDZYSZYN et al., 2002), somado às condições edafoclimáticas propícias, capacidade de adaptação do *Pinus taeda* às áreas de produção, diversidade de uso da madeira e bom incremento volumétrico da espécie (BOGNOLA et al., 2008).

2.2. Melhoramento genético de *Pinus taeda*

O melhoramento genético de *Pinus taeda* foi iniciado na década de 50, na região sudeste dos Estados Unidos (EUA). Nos primeiros anos, os programas de melhoramento estavam voltados para a seleção de fontes de sementes que reproduzissem genótipos com bom crescimento e resistência a doenças como a

ferrugem, causada por *Quercuum cronartium* (MCKEAND et al., 2003; MCKEAND et al., 2006).

Hoje, praticamente todas as mudas de *Pinus taeda* plantadas no Sul dos EUA são produtos dos programas de melhoramento, tendo origem em pomares de semente de meios-irmãos, pomares de sementes de famílias de irmãos completos e de pomar clonal testado (MCKEAND et al., 2006; MCKEAND et al., 2008; STOVALL et al., 2013). Além da propagação via seminífera, vêm aumentando os plantios utilizando clones propagados via estaquia e embriogênese somática (MCKEAND et al., 2003; ISIK et al., 2005; MCKEAND et al., 2008).

No Brasil, os plantios com *Pinus* totalizam aproximadamente 1.642.000 hectares, dos quais 1.000.000 são de *Pinus taeda*. A região Sul é a maior detentora das áreas de florestas plantadas deste grupo de espécies (83,0%), devido às condições edafoclimáticas e à localização dos principais centros processadores desse tipo de madeira (ABRAF, 2013). Essa expressiva área de florestas plantadas com *Pinus* é consequência de sua importância na produção de papel de fibra longa no mercado brasileiro (AGUIAR et al., 2011). O *Pinus taeda* tem sido o principal foco das implantações florestais no Sul do Brasil por várias empresas do setor e, conseqüentemente, alvo de programas de melhoramento genético florestal (AGUIAR et al., 2011; ASSIS e RESENDE, 2011).

As plantações, inicialmente estabelecidas no Sul do Brasil, foram formadas por sementes importadas de diversas regiões dos Estados Unidos, principalmente da Flórida, Geórgia, Alabama, Louisiana, Mississippi, Carolina do Sul e Carolina do Norte (SHIMIZU et al., 2008). Devido à diversidade de origem do material genético utilizado na composição dos povoamentos, esses plantios se tornaram as principais fontes de genótipos selecionados em programas locais de melhoramento da espécie (KRONKA et al., 2005). Eventualmente, alguns desses plantios foram transformados em áreas de produção de sementes (APS). Essas áreas, em sua maioria, localizadas em empresas privadas, deram origem às primeiras fontes isoladas de sementes de *Pinus taeda* no Brasil (SHIMIZU, 2006; SHIMIZU e SEBBEN, 2008). A vantagem dessas sementes estava no fato de serem provenientes de material selecionado fenotipicamente para as condições locais. Com esse material genético, foram estabelecidos testes de progênies assim como os primeiros pomares clonais de sementes (PCS) de *Pinus taeda* no Brasil (AGUIAR et al., 2011).

Segundo Kronka et al. (2005), Assis e Resende (2011), houve grande avanço no melhoramento de *Pinus taeda* no Brasil, resultando em plantios com alta capacidade produtiva. Segundo os autores, o aumento na capacidade produtiva dos povoamentos tem relação direta com o avanço no melhoramento genético da espécie, fornecendo sementes geneticamente melhoradas, dando suporte ao incremento na produção.

Em *Pinus taeda*, os efeitos de dominância são, aparentemente, de baixa magnitude para características de crescimento (volume de madeira, altura e diâmetro das árvores), com heterose de baixa magnitude, em função de a herdabilidade dos caracteres sob seleção ser de magnitude moderada a alta (PIRES et al., 2011). Os efeitos da capacidade específica de combinação não são importantes para características de crescimento em *Pinus taeda*, e a capacidade geral de combinação dos genitores é um bom preditor da média do cruzamento entre eles (ASSIS e RESENDE, 2011). Assim, entre as estratégias empregadas para o melhoramento do *Pinus taeda* no Brasil, destaca-se a seleção recorrente intrapopulacional (AGUIAR et al., 2011; ASSIS e RESENDE, 2011).

A heterose funcional em nível de famílias tem sido observada em *Pinus taeda* e está sendo utilizada para capturar benefícios, a partir da capacidade específica de combinação, por meio da polinização controlada em massa. Com isso, procura-se maximizar os cruzamentos entre pares de genótipos que apresentam combinação superior (ASSIS e RESENDE, 2011). Programas de melhoramento utilizando a clonagem de plantas juvenis, a partir das melhores famílias, estão começando a ser desenvolvidos, visando a explorar a variabilidade dentro das famílias (AGUIAR et al., 2011; ASSIS e RESENDE, 2011).

De modo similar aos resultados obtidos nos Estados Unidos, o material genético de PCS de *Pinus taeda* de 1ª geração no Brasil propiciou ganhos de 12% em volume, em relação ao material proveniente de APS (MARTINEZ et al., 2012). Com base nas análises de testes genéticos de progênies de 2ª geração de *Pinus taeda*, estima-se que ganhos genéticos da mesma ordem poderão ser também obtidos no próximo ciclo de melhoramento, a exemplo daqueles obtidos pelos programas de melhoramento nos Estados Unidos (LI et al., 1995; MCKEAND et al., 2006; DEAN, 2008).

Tendo em vista os impactos positivos dos programas de melhoramento genético de *Pinus taeda* sobre a produção de matéria-prima adequada,

principalmente a fabricação de celulose de fibra longa (MCKEAND et al., 2006; MARTINEZ et al., 2012), sua implementação nas empresas é fundamental para o aumento da produtividade. Considerando as limitações de ganhos genéticos nos programas tradicionalmente desenvolvidos via seminífera, a clonagem tende a ter um papel importante na consolidação da competência das empresas brasileiras neste mercado. Para tanto, faz-se necessária a implantação de testes clonais visando à seleção de genótipos superiores.

2.3. Seleção genética

A seleção de genótipos superiores em *Pinus taeda* vem sendo feita por meio da predição de dados genéticos embasados em características fenotípicas (ISIK et al., 2005; MCKEAND et al., 2006; MARTINEZ et al., 2012). Entretanto, a eficiência da seleção fenotípica depende do nível de controle genético da característica e da intensidade dos efeitos ambientais (FONSECA et al., 2010; PIRES et al., 2011). Aos dados fenotípicos, devem ser aplicados métodos de seleção que os transformem em dados genéticos e genotípicos e, conseqüentemente, permitam maior precisão de seleção (RESENDE, 2002).

A partir da avaliação experimental, a seleção fenotípica deve basear-se, tanto em componentes de médias, quanto em componentes de variância. Assim, as técnicas de avaliação genética envolvem simultaneamente a predição de valores genéticos e a estimação de componentes de variância, utilizando modelos estatísticos em nível de indivíduos através do procedimento de estimação de componentes de variância via máxima verossimilhança residual (Reml) e de predição de valores genéticos via melhor predição linear não viesada (Blup) (RESENDE, 2002).

Em um programa de melhoramento florestal, a avaliação genética dos indivíduos e suas relações com os ambientes de plantio são fundamentais (MARTINEZ et al., 2012). Neste contexto, a metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) é considerada a mais eficiente e tem sido implementada por meio do software Selegen-Reml/Blup (RESENDE, 2007), que permite seleção eficiente em todas as situações práticas de experimentação no campo.

O objetivo de da seleção pode ser definido com base no caráter de interesse econômico ou em um conjunto de caracteres, estando implícito, no segundo caso, o desejo de melhorar simultaneamente vários caracteres (RESENDE, 2002). Na

definição dos caracteres de seleção, devem ser empregados critérios técnicos bem estabelecidos. Os critérios utilizados na seleção do clone geralmente são definidos em função da espécie, da disponibilidade de infraestrutura, do tempo e dos recursos financeiros, assim como dos objetivos a serem alcançados (ISIK et al., 2005; XAVIER et al., 2013; ASSIS e RESENDE, 2011).

Os produtos madeireiros e não madeireiros provenientes de *Pinus taeda* mais visados e com maior potencial para o mercado brasileiro são papel e celulose, serraria e laminação (ABRAF, 2013). Para a obtenção desses produtos, algumas características são desejáveis, a exemplo do crescimento (volume, diâmetro a altura do peito - *dap* e altura), densidade da madeira, composição química, constituição anatômica, capacidade de enraizamento, adaptabilidade às condições de plantio, resistência a pragas e doenças, cor da madeira, madeira livre de nó, proporção de lenho juvenil e adulto, forma da árvore, produção de breu e terebintina no caso de seleção para a produção de resina (ISIK et al., 2004; 2005; AGUIAR et al., 2011; ASSIS e RESENDE, 2011). Essas características são, portanto, alvo para a seleção em programas de melhoramento genético da espécie de acordo com o produto que se deseja obter.

De acordo com o produto a ser obtido, existem algumas características de interesse que podem ser trabalhadas pelo melhoramento. Segundo Aguiar et al. (2011) e Pires et al. (2011), os caracteres alvo no melhoramento do *Pinus taeda* são quantitativos, estando, em geral, associados a características de alto valor econômico como diâmetro, volume, densidade básica da madeira, tendo, portanto, controle poligênico, com herdabilidade no sentido restrito de moderada a alta. Segundo Resende (2002), a herdabilidade individual pode ser classificada em: baixa ($h^2_a < 0,15$), média ou moderada ($0,15 < h^2_a < 0,50$) e alta ($h^2_a > 0,50$).

As características de crescimento têm sido as mais empregadas na seleção de árvores, desde as primeiras iniciativas do melhoramento genético florestal. Tais características são fundamentais para qualquer finalidade de uso da madeira (ISIK et al., 2005; MARTINEZ et al., 2012). Isso, principalmente, devido ao foco voltado à maior produção de madeira por unidade de área. Entre as características de crescimento, estão o diâmetro à altura do peito (*dap*), altura do fuste e volume.

Nos testes genéticos montados com *Pinus taeda*, têm sido encontradas herdabilidades moderadas a altas para altura do fuste, *dap* e volume (GWAZE et al., 2001; PALUDZYSZYN FILHO, 2001; XIANG et al., 2003; ISIK et al., 2004; ISIK

et al., 2005; MCKEAND et al., 2006; MARTINEZ et al., 2012). Essas características em *Pinus taeda* podem ser melhoradas pela seleção de matrizes e reprodução controlada entre elas (ASSIS e RESENDE, 2011). Assim, mediante trabalhos básicos de seleção criteriosa e cruzamentos controlados, conseguiu-se alterar as características das árvores, aumentando o valor das florestas de *Pinus taeda* (MCKEAND et al., 2006; SHIMIZU, 2006; MARTINEZ et al., 2012).

Testes bem estabelecidos e projetados são fundamentais para o sucesso de qualquer programa de melhoramento genético, permitindo estimativa precisa de parâmetros genéticos como herdabilidade, variações genéticas e correlações, visando aumentar a confiabilidade com que o desempenho clonal pode ser previsto (O'NEILL et al., 2005; DEAN, 2008; WAHID et al., 2012), além de propiciar ganhos contínuos com a seleção ao longo de várias gerações de seleção. Em virtude do longo ciclo de seleção das espécies arbóreas, tem sido proposta a seleção com base em parâmetros genéticos obtidos em idades juvenis com o objetivo principal de maximizar os ganhos genéticos por unidade de tempo.

2.4. Seleção precoce

A seleção de árvores superiores em diferentes idades é outro aspecto importante a ser considerado em programas de melhoramento genético. A seleção precoce é uma forma de seleção indireta, em que caracteres em idades prévias à de rotação são utilizados como preditores de caracteres economicamente importantes na idade de rotação (FONSECA et al., 2010; PIRES et al., 2011).

A seleção precoce aplicada ao melhoramento genético apresenta algumas vantagens: testes genéticos menores, com espaçamentos mais fechados; ganho genético rápido; facilidade de medição; e diminuição no intervalo entre as gerações de seleção (LAMBETH, 1980; PIRES et al., 2011). No entanto, a adoção da seleção precoce tem visado principalmente à redução na duração do ciclo de melhoramento (LAMBETH, 1980; MCKEAND et al., 2006; DEAN, 2008), diminuindo o tempo requerido para a avaliação e seleção, maximizando os ganhos genéticos por unidade de tempo (ano) (RESENDE et al., 1995; LAMBETH e DILL, 2001; GONÇALVES et al., 2005; DEAN, 2008; PIRES et al., 2011).

Na seleção precoce, caracteres avaliados em idades prévias à de rotação são utilizados como preditores de caracteres economicamente importantes na idade de

rotação (DEAN, 2008; PIRES et al., 2011). No caso do *Pinus taeda*, estudos já realizados apresentam bons resultados para a seleção precoce (PALUDZYSZYN FILHO et al., 2002; 2003; ISIK et al.; 2005; MCKEAND et al., 2006; MARTINEZ et al., 2012).

Alguns pesquisadores desenvolveram modelos matemáticos que medem a correlação genética existente entre a idade juvenil e a idade de rotação da cultura, com o mínimo de perdas no ganho genético (LAMBETH 1980; MAGNUSSEN, 1989; KANG 1991; MAGNUSSEN e YANCHUKA, 1993; WU, 1999; LAMBETH e DILL, 2001). O modelo comumente utilizado para prever as correlações entre diferentes idades de seleção foi desenvolvido por Lambeth (1980) e ajustado para correlações genéticas entre idade juvenil e idade adulta em *Pinus taeda* (LAMBETH e DILL, 2001), tendo como essência encontrar a idade mínima para a seleção com ganho genético máximo.

A integração da silvicultura clonal com a seleção precoce em programas convencionais de melhoramento genético tem possibilitado ganho genético expressivo, juntamente com implantação mais rápida e flexível de genótipos superiores (ZOBEL e TALBERT, 2003; O'NEILL et al., 2005; DEAN, 2008; MCKEAND et al., 2008; WAHID et al., 2012). Entretanto, considerando que os povoamentos florestais ocupam extensas áreas de plantio, deve ser considerada na seleção dos genótipos a interação genótipos x ambientes.

2.5. Interação “genótipo x ambiente”

A interação “genótipo x ambiente” pode ser definida pela variação das respostas dos genótipos a diferentes ambientes, de modo que um genótipo dificilmente é o melhor em todas as condições de cultivo (VENDUSCROLO et al., 2001), indicando que os efeitos genéticos e ambientais não são independentes (CRUZ et al., 2004; ANPUTHAS et al., 2011).

O valor fenotípico de um indivíduo, quando avaliado em um ambiente, é o resultado da ação do efeito genotípico sob a influência do meio ao qual é submetido. No entanto, ao avaliar o mesmo indivíduo em vários ambientes, surge, frequentemente, um componente adicional que influencia o seu valor fenotípico, que é denominado interação entre os efeitos genotípicos e os ambientais. Essa interação

quantifica o comportamento diferenciado dos genótipos diante das variações ambientais (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

A interação “*genótipo x ambiente*” é de extrema utilidade nos programas de melhoramento de plantas, pois torna possível a seleção de genótipos com adaptação ampla ou específica, a escolha de locais de seleção e a determinação do número ideal de ambientes e de genótipos a serem avaliados (zonas de melhoramento) durante a seleção (FOX et al., 1997; PINTO et al., 2006).

A avaliação de genótipos em diferentes locais é fundamental em testes genéticos, pois diferentes resultados podem ser obtidos de acordo com cada local. Falkenhagen (1989) encontrou forte interferência do sítio na correlação entre altura e diâmetro, avaliando experimentos com *Pinus elliottii* na África do Sul, em diferentes regiões climáticas. Paludzyszyn Filho et al. (2001) avaliaram progênies de *Pinus taeda* em quatro diferentes locais e sugerem que o programa de melhoramento deve ser específico por local. Por outro lado, Martinez et al. (2012) sugerem um único programa de melhoramento de *Pinus taeda* para cinco diferentes locais estudados, devido à alta correlação genética. A opção pela seleção por local ou conjunta depende diretamente dos genótipos selecionados em cada local, suas herdabilidades e correlações genéticas. Correlações acima de 2/3 ou 0,67 são consideradas altas e indicam que um só programa de melhoramento atende satisfatoriamente a todos os locais, simultaneamente (RESENDE, 2002).

Em termos do melhoramento, dependendo do que se pretende obter, a ocorrência de significativa interação “*genótipo x ambiente*” nem sempre é desejável, existindo várias opções para atenuar os efeitos dessa interação, tais como: (i) identificar genótipos específicos para cada ambiente; (ii) promover subdivisões de uma área heterogênea em sub-regiões mais uniformes, de modo que os genótipos não interajam significativamente com os ambientes; e (iii) identificar genótipos com maior estabilidade fenotípica (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

A interação “*genótipo x ambiente*” é um dos maiores problemas dos programas de melhoramento de qualquer espécie, seja na fase de seleção ou recomendação de cultivares, além disso, a simples análise da interação “*genótipo x ambiente*” não proporciona informações completas e exatas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais (PINTO et al., 2006). Para tal objetivo, devem ser realizadas análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, pelas quais se torna possível a identificação de cultivares com comportamento

previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (CRUZ e REGAZZI, 1994; RESENDE, 2007; ROSADO et al., 2012).

As metodologias de análise da estabilidade e adaptabilidade são úteis quando se deseja minimizar o risco de cometer erros na seleção de genótipos na presença de efeito significativo da interação genótipo por ambiente, tendo assim maior previsibilidade de comportamento dos genótipos frente às variações ambientais (VENDRUSCOLO et al., 2001).

Para a avaliação dos genótipos, visando a estudos de adaptabilidade e estabilidade, é necessário conduzir experimentos precisos e em uma grande amplitude de condições ambientais, sendo, portanto, uma das etapas mais importantes, trabalhosas e onerosas em um programa de melhoramento (ROCHA et al., 2005; SILVA e DUARTE, 2006; RESENDE, 2007). Entretanto, tratando-se de programas de melhoramento visando à produção de clones, devem ser estabelecidos métodos eficientes de propagação clonal em função dos objetivos, espécie e recursos financeiros disponíveis.

2.6. Formas de propagação

Embora apresentando sistema reprodutivo alógamo e sem presença de autofecundação (SHIMIZU, 2008), o *Pinus taeda* vem sendo propagado em escala comercial pela via seminífera. Por essa razão, a produção de mudas por este processo acaba limitando a produção comercial, devido à grande variação genotípica, o que pode ser prejudicial à uniformidade e produtividade silvicultural (SHIMIZU, 2006). Com a clonagem associada ao melhoramento, é possível utilizar tanto as porções aditivas, quanto as não aditivas da variação genética de uma população, aumentando o ganho genético potencial (RESENDE, 2007; ASSIS e RESENDE, 2011). Pela importância da propagação vegetativa de *Pinus taeda*, muitas pesquisas têm sido iniciadas para investigar os vários fatores que influenciam esse processo (ANDREJOW e HIGA, 2009).

A propagação vegetativa para o gênero *Pinus* pode ser feita por enxertia, com aplicação na promoção do florescimento precoce (ASSIS e RESENDE, 2011; PEREZ et al., 2007), porém esta técnica, conforme descrito acima, está longe de ser um método ideal, uma vez que depende da compatibilidade entre enxerto e porta-enxerto e comumente apresenta alta variabilidade em função de o porta-enxerto não

ser clonado (MENCUCCINE et al. 2007; ORDÁS et al., 2007). Entretanto, as vantagens apresentadas pela estaquia e miniestaquia na produção de mudas de *Eucalyptus* despertaram o interesse na aplicabilidade destas técnicas na produção de mudas de *Pinus*, como possibilidade de multiplicação de genótipos importantes, aumento de produtividade, maior uniformidade do produto final e rotações mais curtas (MAJADA et al, 2012; XAVIER et al., 2013).

Segundo Alcântara et al. (2007), Alfenas et al. (2009) e Rasmussen e Hunt (2010), *Pinus taeda* é considerada espécie recalcitrante à propagação clonal por enraizamento de estacas, pois, apesar de se conseguir enraizar algumas famílias por esta técnica, os níveis de enraizamento são menores do que aqueles considerados ideais à sua viabilização econômica. Alguns resultados de enraizamento de *Pinus taeda* têm sido publicados e reportam porcentagens de enraizamento que variam de 0 a 60% (FOSTER et al., 2000; ALCANTARA et al., 2007). Entretanto, a clonagem é limitada pela falta de métodos que promovam o rejuvenescimento de árvores adultas (RASMUSSEN e HUNT, 2010; ASSIS e RESENDE, 2011).

Atualmente, a miniestaquia é a técnica mais utilizada para a clonagem de *Eucalyptus* no Brasil, e vários estudos nacionais apontam para a viabilidade do método para *Pinus taeda*, obtendo médias de 78 % a 85% de enraizamento quando se utiliza material juvenil (ALCANTARA et al., 2007 e 2008; ANDREJOW e HIGA, 2009; FERRIANI et al., 2010). Porém, a técnica é restrita à época do ano, ao estado fisiológico da estaca e ao genótipo (ANDREJOW e HIGA, 2009; MORI et al., 2011; MAJADA et al, 2011).

Segundo Baltuniset al. (2005; 2007), existe grande variabilidade genética para o enraizamento entre famílias e clones de *Pinus taeda*, indicando potencial para aumentar a eficiência do enraizamento de miniestacas, no entanto, faz-se necessário selecionar clones que sejam produtivos e que apresentem alta capacidade de enraizamento. Segundo estes autores, somente os clones e as famílias com melhor capacidade de enraizamento são economicamente viáveis quando propagados via estaquia e miniestaquia. Hamann (1998) observou diferença significativa no enraizamento de estacas de *Pinus taeda* para as diferentes famílias testadas. Segundo Andrejow e Higa (2009), o percentual de enraizamento obtido para miniestacas provenientes de brotação apical de mudas jovens de famílias de *Pinus taeda* variou de 42,9% a 98,2%, de acordo com a família.

A idade das minicepas apresenta influência na promoção do sistema radicial de miniestacas de *Pinus taeda*, de forma que o aumento no índice de enraizamento ocorre com a diminuição da idade das minicepas (ALCANTARA et al., 2007). Assim, estacas coletadas de plantas matrizes adultas são mais difíceis de enraizar quando comparadas com aquelas provenientes de plantas juvenis (ALCANTARA et al., 2008; ; MORI et al., 2011; MAJADA et al, 2012). O efeito negativo da ontogenia no enraizamento de estacas e miniestacas tem sido observado em outras espécies de *Pinus*, a exemplo de *Pinus thunbergii* (MORI et al., 2011); *Pinus elliottii* var. *elliottii* x *Pinus caribaea* var. *hondurensis* (HUNT et al., 2011); *Pinus pinaster* (MAJADA et al., 2011) e *Pinus palustris* (HAYWOOD et al., 2012).

Para *Pinus taeda* ainda não está claramente definida a transição da fase juvenil para a adulta, pois algumas regiões da planta podem se apresentar maduras ou senescentes, enquanto outras ainda exibem características juvenis variando de acordo com o genótipo, as condições fisiológicas e os fatores abióticos, que interferem no crescimento e desenvolvimento da planta-matriz e da estaca (GREENWOOD e HUTCHINSON, 1993; ALCANTARA et al., 2007).

O desenvolvimento de um sistema de propagação vegetativa para *Pinus taeda* depende do entendimento e interação de fatores bióticos e abióticos durante o processo de enraizamento (GREENWOOD e WEIR, 1995; DIAZ-SALA et al., 1996; GREENWOOD et al., 2001; ALCANTARA et al., 2007; ALCANTARA et al., 2008; RASMUSSEN et al., 2009; RAGONEZI et al., 2010; MAJADA et al, 2012; RAGONEZI et al., 2010).

Pelas dificuldades do rejuvenescimento de árvores adultas, a estaquia e a miniestaquia vêm sendo utilizadas para a propagação das melhores famílias dos programas de melhoramento, não sendo, porém, utilizadas para a propagação de clones selecionados (ALCANTARA et al., 2008; ANDREJOW e HIGA, 2009; MAJADA et al., 2011).

Diante das dificuldades apresentadas pelas técnicas convencionais de estaquia e miniestaquia, a embriogênese somática tem sido mencionada como técnica vantajosa para a propagação de genótipos superiores advindos dos programas de melhoramento de *Pinus taeda*, com possibilidade para a propagação de clones em nível comercial, com incrementos na produtividade, por abranger as variâncias genéticas aditivas e não aditivas.

2.7. Embriogênese somática em *Pinus taeda*

Pelas dificuldades de enraizamento na propagação por estaquia e miniestaquia de *Pinus taeda*, principalmente de material adulto, técnicas de cultura de tecidos vêm sendo utilizadas no rejuvenescimento de clones, restaurando, dessa maneira, sua competência ao enraizamento (OLIVEIRA et al., 2012). Assim, a embriogênese somática, a princípio, apresenta-se como ferramenta mais indicada na obtenção de mudas clonais, uma vez que permite explorar o máximo de juvenildade da planta, apresentando grande potencial para o rejuvenescimento de materiais selecionados de difícil enraizamento (PULLMAN et al., 2003; PULLMAN et al., 2006; OLIVEIRA et al., 2012; XAVIER et al., 2013).

As principais vantagens potenciais da embriogênese somática relacionam-se com a produção de grande quantidade de propágulos em curto espaço de tempo, menor espaço físico, manutenção da identidade clonal, produção de sementes artificiais, semeadura direta a campo, possibilidade de utilização na transformação genética, hibridação somática e criopreservação (SUTTON, 2002; GROSSNICKLE e FOLK, 2005; AQUEA et al., 2008; MONTALBÁN et al., 2012; MALABADI et al., 2011; XAVIER et al., 2013).

Além disso, a propagação clonal via embriogênese somática, utilizando embriões imaturos, também tem potencial para capturar rapidamente os benefícios da seleção de indivíduos superiores e facilidade na aplicação das técnicas de engenharia genética, melhorando a uniformidade e a qualidade dos plantios florestais, além do armazenamento de genes de interesse por longos períodos (PULLMAN et al., 2003; KIM e MOON, 2007) e a perspectiva de manipulação automática de embriões somáticos (DEAN, 2008; PULLMAN e BUCALO, 2011).

Apesar das vantagens apresentadas pela embriogênese somática, alguns fatores têm limitado a comercialização de embriões somáticos de *Pinus taeda*, incluindo a frequência de iniciação de culturas embriogênicas, que é altamente variável entre as famílias; a recalcitrância de alguns genótipos; a baixa sobrevivência da cultura, resultando em pouca ou nenhuma produção de embriões; e a incapacidade de os embriões somáticos atingirem a plena maturidade, resultando em baixa germinação e reduzido vigor das plântulas (PULLMAN et al., 2003; PULLMAN et al., 2006; PULLMAN e BUCHANAN, 2008).

Outro fator que influencia a taxa de embriogênese somática nas famílias de *Pinus taeda* é o meio de cultura. Segundo Pullman et al. (2003), as diferentes formulações para cultura podem se adequar aos diferentes genótipos, não existindo, ainda, um meio de cultura capaz de propagar todas as famílias. O modelo reprodutivo característicos dessa espécie, já descrito anteriormente, sugere a necessidade de otimização dos meios de cultura para cada família ou mesmo genótipos. Tem-se observado, também, que a embriogênese somática em gimnospermas é mais difícil do que nas angiospermas, pela recalcitrância de muitas espécies às condições *in vitro* (PULLMAN e BUCALO, 2011; SHIN e KIM, 2012). Em muitos casos, a embriogênese somática ocorre apenas com a utilização de sementes imaturas contendo embriões zigóticos em estágios iniciais, a exemplo de *Pinus taeda* (TANG e NEWTON, 2005; PULLMAN et al., 2006; SHIN e KIM, 2012) e *Pinus rigida* X *Pinus taeda* (KIM e MOON, 2007).

Diante das dificuldades encontradas na propagação via embriogênese somática, muitos estudos têm sido conduzidos para melhorar a eficiência dessa técnica, incluindo descrição dos estágios de desenvolvimento do embrião e detecção dos genes ativos (PULLMAN et al., 2006; BELMONTE e STASOLLA, 2009; PARAKSH e GURUMURTHI, 2010; PULLMAN e BUCALO, 2011; CHAVEZ et al., 2012), melhoria dos meios de cultura, otimizando o uso dos reguladores de crescimento nos estágios de iniciação e de maturação (PRAKASH e GURUMURTHI, 2010; PULLMAN e BUCALO, 2011), e observação de variação somaclonal nos embriões (LELU-WALTER et al., 2008; BONGA et al., 2010).

Em complemento ao apresentado acima, protocolos visando à indução da embriogênese somática com máxima produção de plantas e reduzido custo e trabalho estão constantemente sendo revistos e melhorados (WALTER et al., 2006; PULLMAN et al., 2011), com ênfase na melhoria das taxas de iniciação, especialmente em *Pinus taeda* (PULLMAN et al., 2005; PULLMAN et al., 2006; KIM e MOON, 2007).

Normalmente, a embriogênese somática em coníferas utiliza, como explante, megagametófitos contendo embriões zigóticos imaturos e ocorre por meio de quatro etapas: iniciação, multiplicação, maturação e germinação (PULLMAN et al., 2003; PULLMAN e BUCALO, 2011). No entanto, a iniciação de culturas embriogênicas é conhecida por estar sob forte controle genético (PULLMAN et al., 2003; MACKAY et al., 2006; WALTER et al., 2006). Segundo os autores, o controle genético

diminuiu nas demais fases de produção do embrião somático. Assim, a fase de indução da embriogênese somática é a que apresenta maior possibilidade de ganho genético com a seleção (PULLMAN et al., 2003; WALTER et al., 2006).

Em *Pinus taeda*, na fase de indução da embriogênese somática, observa-se um forte efeito materno na extrusão do megagametófito e, após a extrusão, efeito genético aditivo (PULLMAN et al., 2003; MACKAY et al., 2006). O efeito materno em culturas embriogênicas de *Pinus* está ligado à presença do megagametófito haploide durante a iniciação da cultura, o qual é exclusivamente herdado da planta matriz (WALTER et al., 2006). Tanto os efeitos genéticos maternos, quanto os efeitos genéticos aditivos apresentam diferenças significativas em nível de famílias (O'NEILL et al., 2005; DEAN, 2008; BALTUNIS et al., 2009; WAHID et al., 2012), indicando que a seleção de famílias pode aumentar a eficiência da embriogênese somática (WALTER et al., 2006).

A embriogênese somática de algumas espécies de *Pinus* de importância econômica chegou ao estágio de aplicação na propagação vegetativa destinada a testes clonais e seleção de genótipos superiores (WALTER et al., 2006). Testes clonais bem planejados são fundamentais para o sucesso de qualquer programa de melhoramento genético usando clones propagados via embriogênese somática, permitindo estimativa precisa de parâmetros genéticos como herdabilidade, variações genéticas e correlações e, assim, aumentar a confiabilidade com que o desempenho clonal pode ser previsto (DEAN, 2008; WAHID et al., 2012). Entretanto, poucos estudos têm sido conduzidos para estimar parâmetros genéticos de clones propagados via embriogênese somática em ensaios de campo (O'NEILL et al., 2005; DEAN, 2008; BALTUNIS et al., 2009; WAHID et al., 2012). No Brasil, o primeiro plantio com *Pinus taeda* propagado via embriogênese somática está em fase de teste em campo para a seleção dos melhores clones.

A implementação da embriogênese somática na propagação de plantas em nível comercial vem estimulando a especialização de empresas na produção de embriões somáticos de *Pinus taeda* para a comercialização, a exemplo das empresas CellFor no Canadá (KIM e MOON, 2007) e Arborgen nos Estados Unidos (SHIN e KIM, 2012). Em função do crescente interesse na implantação florestal de *Pinus* com mudas provenientes desta tecnologia, as empresas produtoras de embriões somáticos estão modificando o sistema de produção de embriões, com tendência para a

automação na produção, diminuindo os custos e aumentando a quantidade de embriões produzidos (PULLMAN e BUCALO, 2011; SHIN e KIM, 2012).

Em resumo, a embriogênese somática de *Pinus taeda* tem avançado significativamente desde seu primeiro relato em 1987 (GUPTA e DURZAN 1987), superando muitas dificuldades associadas a outros métodos de propagação clonal, possibilitando a manutenção de um sistema de propagação clonal com possibilidade de aplicação comercial. No entanto, é necessário estabelecer testes de campo bem planejados, envolvendo profissionais de propagação *in vitro*, melhoramento de plantas e viveirista, com objetivo de explorar a variabilidade genética e selecionar os melhores clones para serem propagados via embriogênese somática. Como perspectivas futuras, a embriogênese somática poderá auxiliar os programas de melhoramento com a possibilidade de transformação genética e produção de plantas transgênicas.

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

- ABRAF. **Anuário Estatístico da ABRAF 2013**. Associação Brasileira de produtores de florestas plantadas. Disponível em: <<http://www.Abraflo.org.br/estatisticas/ABRAF12-BR.pdf>>. Acesso em: junho, 2013.
- AGUIAR, A. V. de; SOUZA, V. A. de; FRITZSONS, E.; PINTO, J. E. JR. **Programa de melhoramento de pinus da Embrapa Florestas**. Embrapa Florestas, Colombo, PR, 2011. (Documentos 233).
- ALCANTARA, G. B. de; RIBAS, L. L. F.; HIGA, A. R.; RIBAS, K. C. Z. Efeitos do ácido indolbutírico (AIB) e da coleta de brotações em diferentes estações do ano no enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 36, n. 78, p. 151-156, 2008.
- ALCANTARA, G. B.; RIBAS, L. L. F.; HIGA, A. R.; ZUFFELLATO-RIBAS, K. C.; KOEHLER, H. S. Efeito da idade da muda e da estação do ano no enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. **Revista Árvore**. Viçosa, v. 31, n. 3, p. 399-404, 2007.
- ALFENAS, A. C.; ZAUZA, E. A. V.; MAFIA, R. G.; ASSIS, T. F. **Clonagem e doenças do eucalipto**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2009. 500p.
- ANDREJOW, G. M. P.; HIGA, A. R. Potencial de enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. provenientes de brotação apical de mudas jovens. **Floresta**. Curitiba, v. 39, n. 4, p. 897-903, 2009.
- ANPUTHAS, M.; SEMBAKUTTI, S.; ABEYSIRIWARDENA, Z.; SUMITH, D. Stability and adaptability analysis of rice cultivars using environment-centered yield in two-way ANOVA model. **Communications in Biometry and Crop Science** Vol. 6, No. 2, 2011, pp. 80–86.
- AQUEA, F.; POUPIN, M. J.; MATUS, J. T.; GEBAUER, M.; MEDINA, C.; ARCE-JOHNSON, P. Synthetic seed production from somatic embryos of *Pinus radiata*. **Biotechnology Letters**, v. 30, p. 47 -52, 2008.
- ASSIS, T. F.; RESENDE, M. D. V de. Genetic improvement of forest tree species. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.1, p. 44-49, 2011.
- BALTUNIS, B. S.; HUBER, D. A.; WHITE, T. L.; GOLDFARB, B.; STELZER, H. E. Genetic gain from selection for rooting ability and early growth in vegetatively propagated clones of loblolly pine. **Tree Genetics e Genomes**, v. 3, p.227–238, 2007.
- BALTUNIS, B. S.; HUBER, D. A.; WHITE, T. L.; GOLDFARB, B.; STELZER, H. E. Genetic effects of rooting loblolly pine stem cuttings from a partial diallel mating design. **Canadian Journal of Forest Research**, Canadá, v. 35, p. 1098–1108, 2005.
- BALTUNIS, B.S.; WU, H. X.; DUNGEY, H. S.; MULLIN, T. J.; BRAWNER, J. T. Comparisons of genetic parameters and clonal value predictions from clonal trials

and seedling base population trials of radiata pine. **Tree Genetic Genomes**, v. 5, p. 269–278, 2009.

BELMONTE, M. F.; STASOLLA, C. Altered HBK3 expression affects glutathione and ascorbate metabolism during the early phases of Norway spruce (*Picea abies*) somatic embryogenesis. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 47, p. 904-911, 2009.

BOGNOLA, I. A.; RIBEIRO Jr., P. J.; SILVA, E. A. A.; LINGNAU, C.; HIGA, A. R. Modelagem uni e bivariada da variabilidade espacial de rendimento de *Pinus taeda* L. **Floresta**, Curitiba, v. 38, n. 2, 2008.

BONGA, J. M.; KLIMASZEWSKA, K.; VON, ADERAKAS, P. Recalcitrance in clonal propagation, in particular of conifers. **Plant Cell Tissue Organ Cult**, v. 100, p. 241–254, 2010.

CASTRO, F. S.; PEZZOPANE, J. E. M.; PEZZOPANE, J. R. M.; CECÍLIO, R. A.; XAVIER, A.C. Zoneamento agroclimático para espécies do gênero *Pinus* no Estado do Espírito Santo. **Floresta**, Curitiba, PR, v. 40, n. 1, p. 235-250, 2010.

CHAVEZ, A. L.; EGERTSDOTTER, U.; FLINN, B. Comparison of gene expression markers during zygotic and somatic embryogenesis in pine. **In Vitro Cell & Developmental Biology**, Plant, v. 48, p. 341–354, 2012.

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

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, vol 1, editora UFV, 2004, p. 171-201

DEAN, C. A. Genetic Parameters of Somatic Clones of Coastal Douglas-fir at 5 1/2-Years across Washington and Oregon, USA. **Silvae Genetica**, v. 57, p. 269-275, 2008.

DIAZ-SALA, C.; HUTCHISON, K.; GOLDFARB, B.; GREENWOOD, M. S. Maturation-related loss of rooting competence by loblolly pine stem cuttings: the role of auxin transport, metabolism and tissue sensitivity. **Physiol Plant**, v.97, p. 481–490, 1996.

FALKENHAGEN, E. R. Influences of testing sites on the genetic correlations in open-pollinated family trials of *Pinus elliottii* in South Africa. **Theoretical and Applied Genetics**. v. 77, n. 6, p. 873 – 880, 1989.

FERRIANI, A. P.; RIBAS, K. C. Z.; WENDLING, I. Miniestaquia aplicada a espécies florestais. **Revista Agroambiente**, v. 4, n. 2, p. 102-109, 2010.

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

FOSTER, G. S.; STELZER, H. E.; MCRAE, J. B. Loblolly pine cutting morphological traits: effects on rooting and field performance. **New Forestry**, v. 19, p. 291–306, 2000.

FOX, P.N.; CROSSA, J.; ROMAGOSA, I. Multi-environment testing and genotype-environment interaction. In: KEMPTON, R.A.; FOX, P.N. (Ed.). **Statistical methods for plant variety evaluation**. New York: Chapman & Hall, 1997. p. 117-138.

GONÇALVES, P.de S.; BORTOLETTO, N.; CARDINAL, A. B.; GOUVÊA, L. R. L.; COSTA, R. B. da; MORAES, M. L. T. de. Age-age correlation for early selection of rubber tree genotypes in São Paulo State, Brazil. **Genetics and Molecular Biology**, v. 28, n. 4, p. 758-764, 2005.

GREENWOOD, M. S.; HUTCHINSON, K. W. Maturation as a developmental process. In: AHUJA, M.R.; LIBBY, W.J. (Eds.) **Clonal Forestry: Genetics, Biotechnology and Application**. Springer-Verlag, New York, p. 14-33, 1993.

GREENWOOD, M. S.; WEIR, R. J. Genetic variation in rooting ability of loblolly pine cuttings: effects of auxin and family on rooting by hypocotyls cuttings. **Tree Physiology**. v. 15, p. 41-45, 1995.

GREENWOOD, M.S.; CUI, X.; XU, F. Response to auxin changes during maturation-related loss of adventitious rooting competence in loblolly pine (*Pinustaeda*) stem cuttings. **Physiologia Plantarum**, Victoria, v.111, p.373-380, 2001.

GUPTA, P. K.; DURZAN, D. J. Biotechnology of somatic polyembryogenesis and plantlet regeneration in loblolly pine. **Biotechnology**, v. 5, p. 147-151, 1987.

GWAZE, D. P.; BRIDGWATER, F. E.; BYRAM, T. D.; LOWE, W. J. Genetic parameter estimates for growth and wood density in Loblolly pine (*Pinus taeda* L.). **Forest Genetics**, v. 8, n. 1, p. 47-55, 2001.

HAMANN, A. Adventitious root formation in cuttings of loblolly pine (*Pinus taeda* L.): developmental sequence and effects of maturation. **Trees**, v. 12, n. 3, p. 175-180, 1998.

HAYWOOD, J. D.; SUNG, S. S.; SAYER, M. A. Copper Root Pruning and Container Cavity Size Influence Longleaf Pine Growth through Five Growing Seasons. **Southern Journal of Applied Forestry**, v. 36, n. 3, p. 146-151, 2012.

HUNT, M. A.; TRUEMAN, S. J.; RASMUSSEN, A. Indole-3-butyric acid accelerates adventitious root formation and impedes shoot growth of *Pinus elliottii* var. *elliottii* X *P. caribaea* var. *hondurensis* cuttings. **New Forests**, v. 41, p. 349–360, 2011.

ISIK, F.; GOLDFARB, B.; LEBUDE, A.; LI, B.; MCKEAND, S. Predicted genetic gains and testing efficiency from two loblolly pine clonal trials. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 35, n. 7, 2005.

- ISIK, F.; LI, B.; FRAMPTON, J.; GOLDFARB, B. Efficiency of Seedlings and Rooted Cuttings for Testing and Selection in *Pinus taeda*. **Forest Science**, v.50, n. 1, p. 44-51, 2004.
- KANG, H. Components of juvenile-mature correlations in forest trees. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 81, p.173-184, 1991.
- KIM, Y. W.; MOON, H. K. Regeneration of plant by somatic embryogenesis in *Pinus rigida*×*P. taeda*. **In Vitro Cellular & Developmental Biology –Plant**, v. 43, p. 335–342, 2007.
- KRONKA, F. J. N.; BERTOLANE, F.; PONCE, R. H. **A cultura do Pinus no Brasil**. 1. ed. São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 2005,156.p.
- LAMBETH, C. C. Juvenile-mature correlations in Pinaceae and implications for early selection. **Forest Science**, v. 26, p. 571–580, 1980.
- LAMBETH, C.; DILL, L. A. Prediction models for juvenile-mature correlations for loblolly pine growth traits within, between and across test sites. **Forest genetics**, v. 8, n.2, p. 101-108, 2001.
- LELU-WALTER, M.A.; BERNIER-CARDOU, M.; KLIMASZEWSKA, K. Clonal plant production from self and cross-pollinated seed families of *Pinus sylvestris*(L.) through somatic embryogenesis. **Plant Cell Tissue and Organ Cultures**, v. 92, p. 31-45, 2008.
- LI, L.; WU, H. X. Efficiency of early selection for rotation-aged growth and wood density traits in *Pinus radiata*. **Canada Journal Forest Research**, v. 35, p. 1-11, 2005.
- LORENZI, H.; SOUZA, H.M.; TORRES, M.A.V.; BASHER, L.B. **Árvores Exóticas no Brasil -madeireiras, ornamentais e aromáticas**. Instituto Plantarum, Nova Odessa, 2003, 368 p.
- MAGNUSSEN, S. Age-to-age correlations in growth processes with fixed and random effects. **Silvae Genetica**, v. 38, n. 2, p. 49-55, 1989.
- MAGNUSSEN. S.; YANCHUKA, D. Selection age and risk: Finding the compromise. **Silvae Genetica**, v.42, n. 1, p. 25-40, 1993.
- MAJADA, J.; ALONSO, C. M.; FEITO, I.; KIDELMAN, A.; ARANDA, I.; ALÍA, R. Mini-cuttings: an effective technique for the propagation of *Pinus pinaster* Ait. **New Forests**, v. 43, p. 399-412, 2011.
- MALABADI, R. B.; NATARAJA, K.; KUMAR, S. V.; MULGUND, G. S. Journey of a single cell to a plantlet *via in vitro* cloning mature trees of conifers. **Research in Biotechnology**, v. 2, n. 6, p. 01-07, 2011.
- MARTINEZ, D. T.; RESENDE, M. D. V. de; COSTA, R. B. da; HIGA, A. R.; SANTOS, G. A. dos; FIER, I. S. N. Estudo da interação genótipo x ambiente em progênies de *Pinus taeda* por meio da análise de parâmetros genéticos. **Floresta**, Curitiba, PR, v. 42, n. 3, p. 539 – 552, 2012.

- MCKEAND, S. E.; JOKELA, E. J.; HUBER, D. A.; BYRAM, T. D.; ALLEN, H. L.; LI, B.; MULLIN, T. J. Performance of improved genotypes of loblolly pine across different soils, climates and silvicultural inputs. **Forestry Ecology Management**, v. 227, n.1–2, p. 178–184, 2006.
- MCKEAND, S. E.; LI, B.; GRISSOM, J. E.; ISIK, F.; JAYAWICKRAMA, K. J. S. Genetic Parameter Estimates for Growth Traits from Diallel Tests of Loblolly Pine Throughout the Southeastern United States. **Silvae Genetica**, v. 57, n. 3, p. 101-110, 2008.
- MCKEAND, S.; MULLIN, T.; BYRAM, T.; WHITE, T. Deployment of genetically improved loblolly and slash pines in the South. **Journal Forestry**, v. 101, p. 32–37, 2003.
- MENCUCCINI, M.; VILALTA, J. M.; HAMID, H. A.; KORAKAKI, E.; VANDERKLEIN, D. Evidence for age and size-mediated controls of tree growth from grafting studies. **Tree Physiology**, v. 27, p. 463–473, 2007.
- MONTALBÁN, I. A.; DE DIEGO; MONCALEÁN, P. Enhancing initiation and proliferation in *Radiata pine* (*Pinus radiata* D. Don) somatic embryogenesis through seed family screening, zygotic embryo staging and media adjustments. **Acta Physiol Plant**, v. 34, p. 451–460, 2012.
- MORI, Y.; MIYAHARA, F.; TSUTSUMI, Y.; KONDO, R. Effects of combinational treatment with ethephon and indole-3-butyric acid on adventitious rooting of *Pinus thunbergii* cuttings. **Plant Growth Regul**, v. 63, p. 271-278, 2011.
- OLIVEIRA, F. L.; LIMA, I. L.; GARCIA, J. N.; FLORSHEIM, S. M. B. Propriedades da madeira de *Pinus taeda* L. em função da idade e posição radial na tora. **Revista do Instituto Florestal de São Paulo**. São Paulo, v. 18, n. único, p. 59-70, dez 2006.
- O'NEILL, G. A.; RUSSELL, J. H.; HOOGE, B. D.; OTT, P. K.; HAWKINS, C. B. D. Estimating gains from genetic tests of somatic emblings of interior spruce. **Forest Genetics**, v. 12, n. 1, p. 57-66, 2005.
- ORDÁS, R. J.; CUESTA, A. C.; CORTIZO, M.; RODRÍGUEZ, A.; FERNÁNDEZ, B. Micropropagation of *Pinus pinea* L.. In: JAIN, S. M.; HÄGGMAN, H. (eds.) **Protocols for Micropropagation of Woody Trees and Fruits**. Springer-Verlag, Berlin, p. 33-39, 2007.
- PALLARDY, S. G. **Physiology of Woody plants**. Elsevier, 3 ed., 2008.
- PALUDZYSZYN FILHO, E.; FERNANDES, J. S. C.; RESENDE, M. D. V. Avaliação e seleção precoce para crescimento de *Pinus taeda*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 12, p. 1719 - 1726, 2002.
- PALUDZYSZYN FILHO, E.; MORA, A. L.; MAESTRI, R. Interação de genótipos de *Pinus taeda* L. com locais no sul-sudeste do Brasil. **Revista Cerne**, v. 7, n. 1, p. 90 - 100, 2001.

- PALUDZYSZYN FILHO, E.; SHIMOYAMA, V. R. S.; MORA, A. L. Seleção precoce para incremento simultâneo do crescimento e da qualidade da madeira em *Pinus taeda* L. Boletim de Pesquisa Florestal. Colombo. **Embrapa Florestas**, n. 46, p. 31 - 46, 2003.
- PEREZ, A. M. M; WHITE, T. L.; HUBER, D. A.; MARTIN, T. A. Graft survival and promotion of female and male strobili by topgrafting in a third-cycle slash pine (*Pinus elliottii* var. *elliottii*) breeding program. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 37, n. 7, p. 1244-1252, 2007.
- PINTO, J. E.; STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. de; RONZELLI, P. J. Avaliação Simultânea de Produtividade, Adaptabilidade e Estabilidade Genotípica de *Eucalyptus grandis* em Distintos Ambientes do Estado de São Paulo. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, n. 53, p. 79-108, 2006.
- PIRES, I. E.; RESENDE, M. D. V. de; Silva, R. L. da; RESENDE Jr, M. F. R de. **Genética florestal**. Arka, Viçosa, MG, v.1, 2011, 318 p.
- PRAKASH, M. G.; GURUMURTHI, K. Effects of type of explant and age, plant growth regulators and medium strength on somatic embryogenesis and plant regeneration in *Eucalyptus camaldulensis*. **Plant Cell Tissue and Organ Cultures**, v. 100, p. 13–20, 2010.
- PULLMAN, G. S.; BUCALO, K. Pine somatic embryogenesis using zygotic embryos as explants. **Methods in Molecular Biology**, v. 710, p. 267-291, 2011.
- PULLMAN, G. S.; BUCHANAN, M. Identification and quantitative analysis of stage-specific carbohydrates in loblolly pine (*Pinus taeda*) zygotic embryo and female gametophyte tissues. **Tree Physiology**, v. 28, n. 7, p. 985-996, 2008.
- PULLMAN, G. S.; CHOPRA, R.; CHASE, K. M. Loblolly pine (*Pinus taeda* L.) somatic embryogenesis: improvements in embryogenic tissue initiation by supplementation of medium with organic acids, vitamins B₁₂ and E. **Plant Science**, v. 170, p. 648-658, 2006.
- PULLMAN, G. S.; JOHNSON, S.; PETER, G.; CAIRNEY, J.; XU, N. Improving loblolly pine somatic embryo maturation: comparison of somatic and zygotic embryo morphology, germination, and gene expression. **Plant Cell Reports**, v. 21, p. 747–758, 2003.
- PULLMAN, G. S.; JOHNSON, S.; VAN TASSEL, S.; ZHANG, Y. Somatic embryogenesis in loblolly pine (*Pinus taeda* L.) and Douglas fir (*Pseudotsuga menziesii*): improving culture initiation with MES pH buffer, biotin, and folic acid. **Plant Cell Tissue and Organ Culture**, v. 80, p. 91-103, 2005.
- RAGONEZI, C.; KLIMASZEWSKA, K.; CASTRO, M. R.; LIMA, M.; OLIVEIRA, P. de; ZAVATTIERI, M. A. Adventitious rooting of conifers: influence of physical and chemical factors. **Trees**, v. 24, p. 975–992, 2010.
- RASMUSSEN, A.; SMITH, T. E.; HUNT, M. A. Cellular stages of root formation, root system quality and survival of *Pinus elliottii* var. *elliottii* X *P. caribaea* var.

hondurensis cuttings in different temperature environments. **New Forests**, v. 38, p. 285-294, 2009.

RASMUSSEN, A.; HUNT, M. A. Ageing delays the cellular stages of adventitious root formation in pine. **Australian Forestry**, v. 73, n. 1, p. 41–46, 2010.

RESENDE, M. D. V. de. Delineamento de experimentos de seleção para a maximização da acurácia seletiva e progresso genético. **Revista Árvore**, v. 19, n. 4, p. 479-500, 1995.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Selegem – Reml/Blup: Sistema estatístico e Seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa florestas, 361p., 2007.

ROCHA, R.B.; MURO-ABAD, J.I.; ARAUJO, E.F.; CRUZ, C.D. Avaliação do método centroide para estudo de adaptabilidade ao ambiente de clones de *Eucalyptus grandis*. **Ciência Florestal**, v.15, n.3, p.255-266,2005.

ROSADO, A.M. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.47, n.7, p.964-971, jul. 2012

SCHULTZ, R. **Loblolly Pine: The ecology and culture of Loblolly Pine (*Pinus taeda* L.)**. **Agriculture Handbook cap. 7 – Genetics and improvement**. New Orleans, U.S.D.A. (U.S. Department of Agriculture), n. 713, part 2, dez. 1997, 50 p.

SHIMIZU, J. Y. Introdução. In: SHIMIZU, J. Y. (Ed.). **Pinus na silvicultura brasileira**. Colombo: Embrapa Florestas, 2008. p. 15-16.

SHIMIZU, J. Y. Pinus na silvicultura brasileira. **Revista da Madeira**. Curitiba, v. 16, n. 99, p. 4-14, set. 2006.

SHIMIZU, J. Y.; SEBBENN, A. M. Espécies de pinus na silvicultura brasileira. In: SHIMIZU, J. Y. (Ed.). **Pinus na silvicultura brasileira**. Colombo: Embrapa Florestas, 2008. p. 49-74.

SHIMIZU, J. Y.; SEBBENN, A. M.; AGUIAR, A. V. Produção de resina de pinus e melhoramento genético. In: SHIMIZU, J. Y. (Ed.). **Pinus na silvicultura brasileira**. Colombo: Embrapa Florestas, 2008. p. 193-206.

SHIN, H.; KIM, W. Somatic embryogenesis of *Pinus rigida* x *P. taeda* and the relationship between the initiation of embryogenic tissue and zygotic embryo development. **Plant Biotechnology Report**, v, 11, p. 212-219, 2012.

SILVA, W.C.J.; DUARTE, J.B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p.23-30, 2006.

STOVALL, J. P.; FOX, T. R.; SEILER, J. R. Allometry Varies among 6-Year-Old *Pinus taeda* (L.) Clones in the Virginia Piedmont. **Forest Science**, v. 59, n. 1, 23, p. 50-62, 2013.

SUTTON, B. Commercial delivery of genetic improvement to conifer plantations using somatic embryogenesis. **Forest Science**, v. 59, p. 657–661, 2002.

TANG, W.; NEWTON, R. J. Loblolly pine (*Pinus taeda*). In: JAIN, S. M.; GUPTA, P. K. (Eds) **Protocols for Somatic Embryogenesis in Woody Plants**, Springer-Verlag, New York, 2005, p. 95-106.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética Biométrica no Fitomelhoramento: **Sociedade Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto. 1992. 496p.

VENDUSCROLO, E. C. G.; Scapim, C. A.; Pacheco, C. A. P.; Oliveira, V. R. de; Braccini, A. de L.; Gonçalves-Vidigal, M. C. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho-pipoca na região centro-sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 1, p. 123-130, jan. 2001.

WAHID, N.; RAINVILLE, A.; LAMHAMEDI, M. S.; MARGOLIS, H. A.; BEAULIEU, J.; DEBLOIS, J. Genetic parameters and performance stability of white spruce somatic seedlings in clonal tests. **Forest Ecology and Management**, v. 270, p.45–53, 2012.

WALTER, M. A. L.; CARDOU, M. B.; KLIMASZEWSKA, K. Simplified and improved somatic embryogenesis for clonal propagation of *Pinus pinaster* (Ait.). **Plant Cell Reports**, v. 26, p. 767–776, 2006.

WU, H. X. Study of early selection in tree breeding: 1. Advantage of early selection through increasing selection intensity and reduction of field test size. **Silvae Genetica**, v. 47, n. 2, p. 146–155, 1999.

XAVIER, A.; WENDLING, I.; SILVA, R. L. **Silvicultura clonal - Princípios e Técnicas**. 2 ed., Viçosa, MG: Ed. UFV, 2013. 279p.

XIANG, B.; LI, B.; ISIK, F. Time Trend of Genetic Parameters in Growth Traits of *Pinus taeda* L. **Silvae Genetica**, V. 52, p. 114-121, 2003.

ZOBEL, B.; J. TALBERT. **Applied Forest Tree Improvement**. The Blackburn Press, Caldwell, NJ, Reprint of First Edition, 1984.2003, 505 p.

Avaliação genética de clones de *Pinus taeda* provenientes de embriogênese somática e sua interação “genótipo x ambiente”

RESUMO – Objetivou-se com o presente trabalho a avaliação clonal de indivíduos de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática. O estudo foi realizado por meio de análise genético-estatística da rede experimental de clones de *Pinus taeda*, composta por 238 clones propagados via embriogênese somática. Os dados dos caracteres diâmetro (*dap*), altura total, volume e sobrevivência foram obtidos nas idades de 1, 3 e 4 anos, em quatro testes clonais, dois localizados no Estado do Paraná e dois em Santa Catarina. As análises genético-estatística foram realizadas pelo procedimento de estimação de componentes de variância via máxima verossimilhança residual (Reml) e as de predição de valores genéticos, via melhor predição linear não viesada (Blup), usando o software Selegen-Reml/Blup. Pela alta magnitude da interação “genótipo x ambiente”, faz-se necessária a seleção de clones específicos para os diferentes ambientes. Com base nos valores de acurácia e da correlação genotípica através dos ambientes (rgloc), conclui-se que a seleção para o caráter volume pode ser praticada no quarto ano. Com a seleção simultânea para estabilidade e adaptabilidade, o ganho genético foi de 10% em relação à média das testemunhas comerciais. Esse ganho estimado é um indicativo de que a técnica de embriogênese somática está sendo eficiente na propagação de clones com bons potenciais produtivos.

Palavras-chave: Melhoramento florestal; silvicultura clonal; seleção genética.

1. INTRODUÇÃO

No Brasil, tem-se observado melhor desenvolvimento de *Pinus taeda* nas regiões Sul e Sudeste (KRONKA et al., 2005; MARTINEZ et al., 2012), onde o crescente aumento de produtividade, observado em plantios de *Pinus taeda*, tem sido principalmente oriundo do uso de material geneticamente superior, proveniente de programas de melhoramento genético (MCKEAND et al., 2006; MARTINEZ et al., 2012). No entanto, o melhoramento florestal fornece aos produtores sementes com alta variabilidade genética (WHITE et al., 2007), além de famílias de polinização aberta (meios-irmãos), famílias de irmãos completos e, mais recentemente, clones (MARTINEZ et al., 2012; WAHID et al., 2012).

Tendo em vista os impactos positivos dos programas de melhoramento genético de *Pinus* sobre a produção de matéria-prima adequada à fabricação de celulose de fibra longa (MCKEAND et al., 2006; MARTINEZ et al., 2012), sua implementação nas empresas é fundamental para o crescimento da produtividade. Considerando as limitações de ganhos genéticos nos programas tradicionalmente desenvolvidos pela via seminífera, a clonagem tende a ter um papel importante na consolidação da competência das indústrias brasileiras neste mercado.

A clonagem de espécies como o *Pinus taeda* é viável e pode ser incorporada aos programas de melhoramento genético, propiciando benefícios consideráveis na quantidade e qualidade da matéria-prima para a fabricação de celulose de fibra longa (MCKEAND et al. 2003, 2006; ALFENAS et al., 2009). Entre as principais vantagens oferecidas pela silvicultura clonal, estão o ganho genético, com a multiplicação dos melhores genótipos, a maior uniformidade das plantações e a redução do tempo entre a seleção de indivíduos melhorados e o uso na produção comercial (ZOBEL, 1992; ALFENAS et al., 2009; XAVIER et al., 2013).

Os efeitos negativos da ontogenia têm dificultado a propagação clonal e inviabilizado a utilização de clones de *Pinus taeda* em escala comercial (PULLMAN e BUCALO, 2011). As estacas coletadas de árvores adultas de *Pinus taeda* são difíceis de enraizar (WISE e CALDWELL, 1994; ALCANTARA et al., 2007; 2008), e a produção de mudas clonais por miniestaquia também tem apresentado baixos percentuais de enraizamento (ALCANTARA et al., 2007; ANDREJOWE HIGA, 2009). Como alternativa, a embriogênese somática tem sido desenvolvida e utilizada

na clonagem de *Pinus taeda* (PULLMAN et al., 2006; ALCANTARA et al., 2008; ANDREJOW et al., 2009; PULLMAN e BUCALO, 2011).

A produtividade dos plantios de *Pinus taeda* pode ser melhorada significativamente com a implementação da silvicultura clonal, utilizando a embriogênese somática como técnica de propagação, devido à oportunidade de multiplicação de genótipos desejáveis provenientes dos programas de melhoramento (ZOBEL e TALBERT, 2003; MCKEAND et al., 2008). Entretanto, a embriogênese somática deve ser utilizada de forma a auxiliar os ganhos genéticos em programas de melhoramento bem estruturados, desde que oriunda de embriões zigóticos imaturos, dados os efeitos relacionados com a idade ontogenética existentes no *Pinus* (PULLMAN et al., 2006; PULLMAN et al., 2011).

Em um programa de melhoramento florestal, a avaliação genética dos indivíduos e suas relações com os ambientes de plantio são etapas fundamentais. A interação “*genótipo x ambiente*”, comportamento diferenciado dos genótipos diante das variações ambientais, é um dos maiores problemas dos programas de melhoramento de qualquer espécie, seja na fase de seleção ou recomendação de cultivares (PINTO et al., 2006). Entretanto, análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, que tornam possível a identificação de cultivares com comportamento previsível e que sejam responsivas às variações ambientais, podem ser adotadas (CRUZ e REGAZZI, 1994; RESENDE, 2007; ROSADO et al., 2012).

Neste contexto, a metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) é considerada a mais eficiente e tem sido implementada por meio do software Selegen-Reml/Blup (RESENDE, 2007), que permite seleção eficiente nas situações práticas de experimentação no campo. Em geral, os programas de melhoramento florestal consideram os resultados de análises de correlação juvenil adulto para realizar seleção precoce, visto o longo ciclo de rotação das culturas. No caso do *Pinus taeda*, estudos realizados apresentam bons resultados com a seleção precoce (PALUDZYSZYN FILHO et al., 2001; 2002; 2003; ISIK et al.; 2005; ; MCKEAND et al., 2006; MARTINEZ et al., 2012).

Diante do exposto, objetivou-se com este trabalho a avaliação genética de indivíduos de *Pinus taeda*, propagados via embriogênese somática. De forma específica, objetivou-se estudar a variabilidade e a herdabilidade das características *dap*, altura, sobrevivência e volume, em três idades de avaliação, em quatro sítios nos estados do Paraná e Santa Catarina e avaliar as suas implicações nos ganhos

genéticos e na seleção para produtividade, considerando a interação “*genótipo x ambiente*” (estabilidade e adaptabilidade dos indivíduos).

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Área experimental e germoplasma utilizado

O estudo foi realizado por meio de análise genético-estatística de parte da rede experimental de *Pinus taeda*, da empresa Klabin S.A., composta por 238 clones propagados via embriogênese somática. Os dados foram obtidos de avaliações realizadas em quatro testes clonais, dois localizados no Estado do Paraná e dois em Santa Catarina.

Segundo a classificação climática de Köppen, a região do Estado de Santa Catarina onde estão localizados os sítios 1 e 2 se caracteriza como Cfb (KLABIN, 2009) e a área do Estado do Paraná onde estão localizados os sítios 3 e 4 se encontra em uma região de transição climática entre Cfa e Cfb (KLABIN, 2011). Os sítios 1 e 2 apresentam temperaturas médias inferiores e maior número de geadas do que os sítios 3 e 4. Com relação à classificação do solo, o sítio 1 é classificado como cambissolo húmico, alumínico, léptico, textura argilosa, relevo suave ondulado e ondulado; o sítio 2 é classificado como latossolo bruno, alumínico, textura argilosa, relevo suave ondulado e ondulado; o sítio 3 é classificado como cambissolo háplico, textura média, relevo ondulado e forte ondulado; e o sítio 4, como neossolo quartzarênico, textura arenosa e média leve, relevo suave ondulado e forte ondulado.

O germoplasma utilizado para a implantação dos testes foi composto pelas melhores famílias do programa de melhoramento da empresa (polinização livre e controlada), propagadas via embriogênese somática. A princípio, os melhores indivíduos das famílias elite foram selecionados e seus cones imaturos, coletados e destinados à propagação clonal pela embriogênese somática. Por meio dos embriões zigóticos imaturos, foram obtidos embriões somáticos individualizados por planta, sendo parte deles criopreservados e parte enviados à empresa Klabin, os quais foram germinados, visando à obtenção de mudas para serem utilizadas na implantação do teste clonal para seleção de indivíduos superiores.

2.2. Delineamento experimental

Os testes clonais foram instalados nos estados do Paraná e Santa Catarina em 2007. O delineamento experimental foi o de blocos incompletos, com espaçamento entre plantas de 3 m x 2 m, com uma planta por parcela, em quatro locais (sítios), dois em Santa Catarina e dois no Paraná. Cada sítio foi dividido em dois experimentos, mesmo estando em um só ambiente, em função do grande número de clones e da área ocupada pelos blocos. O número de blocos e os clones avaliados variaram de acordo com o experimento (Tabela 1). Como testemunha comparativa, foram utilizados três lotes de sementes comerciais.

Tabela 1 – Descrição dos testes clonais instalados com clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática.

Estado	Local	Experimentos	Clones	Nº blocos	Plantas/parcela
SC	Sítio1	1	1-35 36-147	12 6	1
		2	164-178 179-215	12 6	1
	Sítio2	1	1-94	6	1
		2	164-193	6	1
PR	Sítio3	1	1-54 55-160	12 6	1
		2	164-196	6	1
	Sítio4	1	1-110	6	1
		2	164-179 164-238	12 6	1
Total geral de clones diferentes:					238
Clones comuns nos quatro ambientes:					126

2.3. Coleta de dados

Foram feitas medições nos clones de *Pinus taeda* para os caracteres diâmetro – *dap* (em cm, medido a 1,30 m de altura do solo), altura total – *Ht* (em m), volume – *Vol* (m³) e sobrevivência nas idades de 1, 3 e 4 anos.

O *dap* foi mensurado com uma fita diamétrica e a altura foi obtida com o uso do relascópio. Para o cálculo do volume, foi utilizada a fórmula

$$Vol = (3,1416 \cdot dap^2/4) \cdot Ht \cdot 0,5,$$

em que *dap*: diâmetro a 1,3 metros de altura; *Ht*: altura total; e fator de forma = 0,5.

A sobrevivência foi avaliada pela contagem do número de árvores vivas por clone no experimento, no momento das medições de *dap* e *Ht*, aos 1, 3 e 4 anos de idade.

2.4. Estimativas de parâmetros genéticos e estatísticas

As análises foram realizadas pelo procedimento de estimação de componentes de variância (Reml) e de predição de valores genéticos (Blup), usando o software Selegen-Reml/Blup (RESENDE, 2002b). Para a avaliação dos componentes de variância, as variáveis foram avaliadas individualmente por local e em conjunto dos locais.

Na avaliação dos indivíduos dentro de cada local, as variáveis foram analisadas usando o modelo linear misto univariado do software Selegen-Reml/Blup, apresentado por Resende (2002a), segundo o modelo

$$y = Xr + Zg + Wb + e,$$

em que: y = vetor de dados; r = vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; g = vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios); b = vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios); e = valor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Foram feitas análises conjuntas dos dois sítios em cada local e também análise conjunta dos quatro sítios nos dois Estados. Para a estimativa das variáveis, foi utilizado o modelo linear misto, que inclui o efeito de interação genótipos x ambientes, o que resultou nos componentes de variância e predição dos valores genéticos, incluindo todos os locais. Além disto, foi possível avaliar a interação através da adaptabilidade e estabilidade dos clones em relação aos diferentes locais. O modelo estatístico para análise dessa rede experimental em vários ambientes, considerando a tomada de uma observação por parcela, é dado por

$$y = Xr + Zg + Wb + Tge + e,$$

em que: y = vetor de dados; r = vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; g = vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios); ge = vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios); b = vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios); e = valor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

$$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ge}^2 + \sigma_e^2} : \text{herdabilidade individual no sentido amplo de parcelas individuais no bloco;}$$

$$c_{ge}^2 = \frac{\sigma_{ge}^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ge}^2 + \sigma_e^2} : \text{coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes;}$$

$$\sigma_g^2 = \text{variância genotípica;}$$

$$\sigma_{ge}^2 = \text{variância da interação genótipos x ambientes;}$$

$$\sigma_e^2 = \text{variância residual entre parcelas; e}$$

$$r_{gloc} = \frac{\sigma_{ge}^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ge}^2} = \frac{h_g^2}{h_g^2 + c_{ge}^2} : \text{ correlação genotípica dos materiais genéticos através dos}$$

ambientes.

Foram avaliadas a produtividade, a estabilidade (em função da média harmônica dos valores genéticos através dos locais – MHVG), a adaptabilidade (através da performance relativa dos valores genéticos em relação à média de cada local – PRVG) e a estabilidade e a adaptabilidade simultaneamente, por meio da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG), conforme Resende (2007). Todas as análises foram feitas por meio do software Selegen-Reml/Blup. Com os valores genéticos preditos, foram obtidas as correlações genéticas entre os caracteres avaliados na análise conjunta com os ambientes.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Avaliação em cada local

Considerando as avaliações no terceiro e no quarto ano, as herdabilidades para médias de clones em relação às características altura, *dap* e volume foram significativas pelo teste de razão de verossimilhança a 5 % de significância e de elevada magnitude. As herdabilidades variaram de 60% a 82%, conduzindo a altas acurácias na seleção de clones propagados via embriogênese somática, indicando expressivo controle genético (Tabela 2). Estas estimativas estão em consonância com as relatadas para *Pinus taeda* por Frampton e Huber (1995) para a altura (0,52), Isik et al. (2003) para o volume (0,70) e Isik et al. (2005) para características de crescimento (0,50 a 0,75). Pelo fato de a estrutura familiar ser consideravelmente diferente entre estes estudos, pode-se inferir que as características de crescimento em *Pinus taeda* estão sob moderado a forte controle genético.

Tabela 2 – Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres altura (*Ht*), diâmetro (*dap*), sobrevivência (*sob*) e volume (*vol*) em clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática, nas idades de um, três e quatro anos, referentes aos quatro testes clonais (dois em Santa Catarina e dois no Paraná).

Parâmetro	Ano	Santa Catarina								Paraná							
		Sítio 1				Sítio 2				Sítio 3				Sítio 4			
		<i>Ht</i>	<i>dap</i>	<i>sob</i>	<i>vol</i>												
h ² g	1	0,095 (+0,022)	0,058 (+0,018)	0,004 (+0,005)	0,067 (+0,019)	0,311 (+0,057)	0,228 (+0,049)	0,004 (+0,007)	0,274 (+0,053)	0,332 (+0,043)	0,234 (+0,036)	0,025 (+0,012)	0,289 (+0,040)	0,274 (+0,045)	0,225 (+0,041)	0,004 (+0,005)	0,247 (+0,043)
	3	0,241 (+0,037)	0,183 (+0,032)	0,145 (+0,028)	0,177 (+0,032)	0,364 (+0,062)	0,314 (+0,057)	0,004 (+0,007)	0,340 (+0,060)	0,305 (+0,041)	0,421 (+0,048)	0,027 (+0,012)	0,417 (+0,048)	0,269 (+0,047)	0,314 (+0,050)	0,031 (+0,015)	0,331 (+0,052)
	4	0,224 (+0,035)	0,201 (+0,033)	0,193 (+0,032)	0,192 (+0,032)	0,231 (+0,049)	0,366 (+0,062)	0,004 (+0,006)	0,375 (+0,062)	0,134 (+0,021)	0,255 (+0,029)	0,012 (+0,006)	0,336 (+0,033)	0,321 (+0,050)	0,271 (+0,046)	0,008 (+0,007)	0,326 (+0,050)
c ² bloc	1	0,056	0,046	0,001	0,033	0,001	0,024	0,000	0,007	0,005	0,063	0,009	0,035	0,016	0,037	0,030	0,027
	3	0,042	0,064	0,002	0,066	0,006	0,008	0,001	0,009	0,132	0,004	0,014	0,019	0,060	0,034	0,021	0,024
	4	0,025	0,040	0,000	0,032	0,022	0,003	0,000	0,002	0,425	0,279	0,076	0,081	0,058	0,125	0,022	0,058
h ² mc	1	0,438*	0,311*	0,027 ^{ns}	0,341*	0,720*	0,637	0,022 ^{ns}	0,685*	0,763*	0,685*	0,172 ^{ns}	0,733*	0,669*	0,617*	0,024 ^{ns}	0,642*
	3	0,681*	0,608*	0,029 ^{ns}	0,599*	0,764*	0,724	0,023 ^{ns}	0,746*	0,774*	0,820*	0,173 ^{ns}	0,822*	0,656*	0,695*	0,173 ^{ns}	0,822*
	4	0,667*	0,640*	0,062 ^{ns}	0,625*	0,640*	0,765	0,022 ^{ns}	0,771*	0,706*	0,808*	0,118 ^{ns}	0,818*	0,722*	0,692*	0,051 ^{ns}	0,771*
Acclon	1	0,654	0,581	0,164	0,600	0,830	0,785	0,148	0,810	0,841	0,795	0,415	0,823	0,812	0,785	0,155	0,797
	3	0,796	0,757	0,170	0,752	0,855	0,832	0,152	0,846	0,849	0,878	0,416	0,879	0,817	0,837	0,416	0,844
	4	0,782	0,767	0,249	0,758	0,786	0,856	0,148	0,860	0,781	0,850	0,344	0,856	0,844	0,829	0,226	0,847
Média geral	1	0,805	1,828	0,993	0,083	0,873	1,905	0,991	0,083	1,172	2,679	0,952	0,083	1,176	2,545	0,853	0,083
	3	3,855	5,925	0,982	3,333	3,946	6,103	0,991	3,611	4,086	7,247	0,943	5,833	5,570	5,782	0,839	4,444
	4	5,145	9,753	0,981	8,750	5,253	10,423	0,991	10,208	6,976	10,430	0,904	13,958	7,872	7,976	0,839	8,958
CVe%	1	31,302	36,039	8,513	105,646	21,294	19,993	11,314	60,404	22,435	23,128	20,546	78,949	22,910	24,711	39,101	61,176
	3	15,599	23,769	10,795	54,799	13,225	21,073	11,309	46,125	16,493	20,120	22,386	56,055	22,747	19,488	39,811	49,734
	4	11,379	19,372	11,280	43,742	9,905	16,722	11,868	35,710	18,788	18,662	31,007	42,612	20,433	19,235	41,319	44,924
CVgi%	1	10,471	9,165	0,553	28,801	14,302	11,044	0,738	37,259	15,866	13,345	3,463	51,534	14,231	13,666	2,537	35,680
	3	9,042	11,737	4,446	26,514	10,044	14,336	0,739	33,324	12,134	17,221	3,789	48,210	14,416	13,535	7,190	35,675
	4	6,222	9,979	5,513	21,766	5,511	12,738	0,757	27,684	10,231	13,813	3,492	32,391	14,675	12,897	3,846	32,699

h²g: Coeficientes de herdabilidade individual no sentido amplo, livre da interação; c²bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos; h²mc: herdabilidade da média de clone; *Acclon*: acurácia da seleção de genótipos; CVgi%: coeficiente de variação genotípica; CVe%: coeficiente de variação residual; média geral do experimento. * Significativo, pelo teste da razão de verossimilhança a 5% de significância.

As estimativas da herdabilidade individual no sentido amplo foram inferiores àquelas obtidas em nível de média de clone, tendo variado em função do local de experimentação e do ano de avaliação. O sítio 1 foi onde o valor estimado de herdabilidade individual apresentou menor magnitude para todas as características avaliadas em todas as idades ($0,004 < h^2_g < 0,22$). Entre as idades de avaliação, o primeiro ano apresentou os menores valores estimados para herdabilidade em nível de média de clone para *dap*, altura total e volume ($0,06 < h^2_g < 0,33$). Nos demais locais, no terceiro e no quarto ano de avaliação, os valores estimados para *dap*, altura total e volume foram classificados como moderados ($0,13 < h^2_g < 0,41$), seguindo a classificação de Resende (2002), indicando possibilidades de ganhos moderados com a seleção para características de crescimento nos clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática.

A Tabela 2 apresenta os desvios padrão das herdabilidades individuais. Segundo Resende e Rosa-Perez (1999), desvios padrão da ordem de até 20% do valor verdadeiro da herdabilidade são aceitáveis na predição de valores genéticos, indicando, portanto, que este parâmetro foi estimado com precisão, dentro de cada local (0,5% a 6%).

Considerando as características altura total, *dap* e volume, no geral, as acurácias seletivas encontradas foram moderadas a altas nas três idades de avaliação (valores variando entre 58% a 84% no ano 1, 75% a 88% no ano 3 e 75% a 86% no ano 4). No entanto, para a sobrevivência, a acurácia seletiva foi baixa (variando de 14% a 41%) em todas as idades, Tabela 2, conforme classificação de Resende e Duarte (2007). Para os caracteres altura total, *dap* e volume, os valores de acurácia apresentados mostram boa qualidade experimental e segurança na seleção feita nesses experimentos. Essa segurança experimental encontrada é relevante em decorrência do desafio experimental e logístico da instalação de testes clonais com grande número de clones, em quatro diferentes ambientes (RESENDE, 2002a; RESENDE e DUARTE, 2007).

O coeficiente de variação genotípica (CV_{gi}) dos caracteres avaliados teve pouca variação, considerando as três idades de estudo e os quatro ambientes. O sítio 1 no Estado de Santa Catarina apresentou os menores coeficientes de variação genotípica nas três idades de avaliação: de 6,2% a 10,5% para altura; de 9,2% a 11,7% para *dap*; de 0,6% a 5,5% para sobrevivência; e de 21,8% a 28,8% para

volume (Tabela 2). Entre as características avaliadas, o volume apresentou os maiores coeficientes de variação genotípica em todas as idades (acima de 20%). A presença de considerável variabilidade genética indica a possibilidade de se praticar seleção entre clones, principalmente para o volume (RESENDE, 2007), sendo possível a obtenção de ganhos genéticos significativos na seleção de clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática.

O coeficiente de variação genotípica (CV_{gi}) dos caracteres avaliados indica também que há clones muito bons e clones ruins sendo propagados via embriogênese somática. É importante observar que o método de propagação por embriogênese somática, a partir de cones imaturos, produz muitos clones ruins, mesmo sendo de cruzamentos superiores. Assim, a utilização dos testes clonais bem planejados e implantados é fundamental.

Os menores valores para herdabilidade, acurácia e coeficiente de variação genotípica, em todas as idades estudadas, foram encontrados em Santa Catarina, no sítio 1. Os demais sítios apresentaram melhores condições de desenvolvimento e expressão do potencial genético dos clones, proporcionando, nestes casos, melhores condições para detectar a variação existente e, conseqüentemente, maiores possibilidades de ganhos genéticos por meio de seleção.

As médias para altura total, *dap* e volume em cada local estudado, Tabela 2, variaram entre os sítios. Entretanto, para a sobrevivência não se observou grande variação entre idades, indicando boa capacidade dos clones em sobreviver nas condições em que foram desenvolvidos os experimentos. A sobrevivência em todos os experimentos foi alta, próxima dos 100%, razão de não ter ocorrido variabilidade suficiente para seleção nesse caráter. Resultado semelhante foi encontrado por Wahid et al. (2012) em clones de *Picea glauca* avaliados aos quatro anos de idade, com sobrevivência entre 98% e 99%.

Dean (2008) observou alta taxa de sobrevivência em clones de *Pseudotsuga menziesii* aos cinco anos e meio de idade, variando de 92% a 99%, dependendo do local de plantio. As altas percentagens de sobrevivência para os clones de *Pinus taeda* confirmam que os clones propagados por embriogênese somática podem ser implantados em diferentes ambientes.

No primeiro ano de avaliação, a herdabilidade da média de clones, herdabilidade no sentido amplo e acurácia apresentaram valores inferiores aos observados nas demais idades para todas as características avaliadas, indicando que o

primeiro ano não é uma idade ideal para se praticar a seleção de clones de *Pinus taeda*.

3.2. Avaliação conjunta de locais

Observa-se presença de variabilidade genética significativa pelo teste de razão de verossimilhança a 5 % de significância entre os clones avaliados na análise conjunta para o Estado de Santa Catarina, Paraná e em todos os locais, conforme mostram as estimativas de herdabilidade e seus desvios padrão (Tabela 3). Essas estimativas de herdabilidade conduzem a expressivas acurácias seletivas, para os caracteres estudados, principalmente para o volume. Entretanto, essas herdabilidades foram baixas, quando comparadas àquelas encontradas na análise por sítio, Tabela 2, indicando que se deve fazer a seleção de indivíduos.

As estimativas relativamente baixas para herdabilidade nas características avaliadas, na análise conjunta entre os ambientes, Tabela 3, sugerem que outros fatores, tais como os efeitos ambientais de sítios e da interação genótipos x ambientes, além da genética, estão influenciando fortemente essas características. Em outras espécies propagadas via embriogênese somática, têm sido observadas estimativas de herdabilidade de baixa a moderada magnitude, a exemplo de *Pseudotsuga menziesii* aos cinco anos e meio após o plantio, tendo sido observados para altura = $0,25 \pm 0,01$, para *dap* = $0,21 \pm 0,01$ e para volume = $0,20 \pm 0,01$ (DEAN, 2008) e em *Picea glauca* aos quatro anos de idade, foi observado para a altura ($0,137 \pm 0,041$) (WAHID et al., 2012).

Caso sejam adotados programas de melhoramento individuais para cada um dos quatro locais, considerando o quarto ano de avaliação, a herdabilidade da média do genótipo para o caráter volume foi estimada em 62% para o sítio 1, em 77% para o sítio 2, em 81% para o sítio 3 e em 77% para o sítio 4 (Tabela 2). No entanto, no caso da adoção de um único programa de melhoramento, incluindo o material genético dos quatro locais, o valor da herdabilidade diminuirá para 48% (Tabela 3).

Os valores do coeficiente de variação genotípica (CV_{gi}) para *dap* e altura nos três anos de estudo ficaram em torno de 7%, entretanto, para o volume, considerando a análise conjunta entre os locais, foram apresentados valores nos três anos de avaliação acima de 22%. Isso mostra ser possível a seleção de genótipos, pois o CV_{gi} acima de 10% é suficiente para se praticar efetiva seleção entre os clones

(RESENDE, 2002). Com base no coeficiente de variação genotípica, observa-se que a embriogênese somática produz muitos clones ruins, necessitando, portanto, dos testes clonais para a seleção dos melhores indivíduos.

Tabela 3 – Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres diâmetro (*dap*), altura (*Ht*) e volume (*vol*) em clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática, nas idades de um, três e quatro anos, referentes aos quatro testes clonais (dois em Santa Catarina e dois no Paraná). Análises conjuntas em cada Estado e em todos os locais.

Parâmetro	Ano	Santa Catarina			Paraná			Conjunta SC/PR		
		Ht	<i>dap</i>	<i>vol</i>	Ht	<i>dap</i>	<i>vol</i>	Ht	<i>dap</i>	<i>vol</i>
h^2g	1	0,064 (+0,015)	0,077 (+0,017)	0,080 (+0,017)	0,171 (+,023)	0,100 (+,018)	0,121 (+,020)	0,099 (+,013)	0,074 (+,011)	0,076 (+ 0,011)
	3	0,114 (+,-0,020)	0,100(+ 0,019)	0,086 (+ -0,018)	0,087 (+,-017)	0,133 (+,-021)	0,161 (+,-023)	0,079 (+,-012)	0,119 (+,-014)	0,133 (+,-0,015)
	4	0,154 (+,-0,023)	0,116 (+,-0,020)	0,106 (+ -0,019)	0,088 (+0,017)	0,126 (+,-0,020)	0,144 (+,-0,022)	0,067 (+,-0,011)	0,124 (+,-0,014)	0,132 (+ 0,015)
c^2_{int}	1	0,076*	0,006 ^{ns}	0,016 ^{ns}	0,068*	0,063*	0,084*	0,115*	0,063*	0,125*
	3	0,169*	0,125*	0,146*	0,109*	0,094*	0,129*	0,142*	0,118*	0,160*
	4	0,074*	0,143*	0,156*	0,142*	0,105*	0,152*	0,174*	0,127*	0,173*
h^2_{mg}	1	0,336*	0,471*	0,463*	0,615*	0,499*	0,504*	0,540*	0,533*	0,470*
	3	0,384*	0,387*	0,335*	0,417*	0,551*	0,528*	0,479*	0,593*	0,528*
	4	0,548*	0,411*	0,378*	0,387*	0,522*	0,484*	0,387*	0,527*	0,484*
Acgen	1	0,579	0,686	0,680	0,784	0,706	0,709	0,735	0,730	0,686
	3	0,620	0,622	0,579	0,646	0,742	0,727	0,692	0,770	0,727
	4	0,740	0,641	0,615	0,622	0,722	0,696	0,622	0,726	0,696
rgloc	1	0,455	0,927	0,837	0,715	0,615	0,590	0,463	0,540	0,378
	3	0,403	0,445	0,371	0,444	0,588	0,555	0,358	0,502	0,455
	4	0,657	0,448	0,404	0,388	0,547	0,487	0,278	0,494	0,433
Média geral	1	0,847	1,883	0,083	1,238	2,761	0,083	1,040	2,314	0,083
	3	3,913	6,024	3,611	4,959	6,757	5,556	4,441	6,399	4,722
	4	5,224	10,106	9,583	6,993	9,842	12,708	6,108	9,956	11,042
CVgi%	1	7,973	9,523	28,071	12,478	10,099	30,599	9,824	9,104	27,974
	3	5,990	8,439	17,628	8,992	12,108	30,418	7,483	10,493	26,948
	4	4,921	7,375	15,294	8,155	11,349	25,700	6,094	9,537	22,474
CVe%	1	27,482	30,859	89,212	21,429	22,576	64,290	24,071	26,131	76,953
	3	14,686	22,718	50,877	19,169	19,803	50,780	17,888	21,138	52,364
	4	10,826	18,242	39,647	17,325	18,745	44,366	15,694	18,534	43,398

h^2g : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo; c^2_{int} : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente; h^2_{mg} : herdabilidade ajustada da média de genótipo; Acgen: acurácia da seleção de genótipos; rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes; CVgi%: coeficiente de variação genotípica; CVe%: coeficiente de variação residual; média geral do experimento. * Significativo, pelo teste da razão de verossimilhança a 5% de probabilidade.

Os coeficientes de variação experimental ficaram entre 15% e 43%, no quarto ano de avaliação, podendo ser considerados altos (CAGNELUTTI e STORCK, 2007). Porém, apesar disso, foram obtidas acurácias moderadas em todos os ambientes e na análise conjunta entre os locais: 62%, 72% e 69%, respectivamente para a altura, *dap* e volume no quarto ano de avaliação. Resende e Duarte (2007) relatam a possibilidade de obtenção de altas acurácias, mesmo com altos coeficientes de variação experimental, desde que os coeficientes de variação genotípica sejam também altos, caso do presente trabalho.

A correlação genotípica entre os ambientes (r_{gloc}) foi de moderada a alta para quase todos os caracteres avaliados no primeiro ano de estudo, variando de 0,38 a 0,93. Segundo Vencovsky e Barriga (1992), altos valores de correlação entre os ambientes indicam baixa interação genótipos x ambientes, sugerindo não ser necessária a seleção de clones específicos para os diferentes ambientes. Entretanto, no terceiro e no quarto ano, a correlação genotípica entre os ambientes foi de baixa a moderada magnitude, para quase todos os caracteres avaliados, variando de 0,28 a 0,65, indicando que é recomendável a seleção de clones específicos para cada ambiente, além disso, por esses resultados, justifica-se considerar, na seleção desses clones, suas adaptabilidades e estabilidades (RESENDE, 2007).

Os resultados sobre a interação “*genótipo x ambiente*” relatados na literatura para *Pinus taeda* são contraditórios. Yeiser et al. (2001), Atwood et al. (2002), Sierra-Lucero et al. (2003) e Baltunes et al. (2007) encontraram baixa correlação “*genótipo x ambiente*” para diâmetro (*dap*), altura e volume. Entretanto, Duda, (2003), Mckeand et al. (2008) e Martinez et al. (2012) mostram alta correlação “*genótipo x ambiente*” para diâmetro (*dap*), altura e volume em *Pinus taeda*.

Corroborando os dados obtidos deste trabalho, Xiang et al. (2003) observaram, em famílias de irmãos completos de *Pinus taeda*, que a idade ideal para seleção precoce, considerando o volume e o *dap*, está situada entre 4 e 5 anos. Resultados semelhantes são apresentados por Gwaze et al. (2001) avaliando famílias de *Pinus taeda* nas idades de 5 a 25 anos. Os resultados revelam mais uma vez que a idade de 1 ano não é adequada para a seleção, pois, além de apresentar herdabilidade mais baixa, não revela a presença de competição entre plantas, que se manifesta nas avaliações de 3 e 4 anos.

Correlações acima de 0,67 são consideradas altas e indicam que um só programa de melhoramento atende satisfatoriamente a todos os locais

simultaneamente (RESENDE, 2002a). Neste estudo, na análise considerando todos os locais, as correlações foram moderadas, necessitando de seleção diferenciada para os distintos ambientes, indicando genótipos com desempenho superior em um ambiente, mas não em outro (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992; CRUZ et al.; 2004; RESENDE, 2007). No geral, os clones são mais instáveis que as famílias, havendo, assim, tendência de menor correlação “*genótipo x ambiente*” em testes clonais. Nunes et al. (2002) relataram que a resposta correlacionada pela seleção em um ambiente e ganho em outro sempre foi inferior ao ganho da seleção direta no local, quando há interação significativa.

A Tabela 3 mostra que os experimentos revelaram baixos coeficientes de determinação dos efeitos da interação “*genótipo x ambiente*” nas idades avaliadas, estando compatíveis com a baixa interação “*genótipo x ambiente*” encontrada.

Para as análises de ganho genético, estabilidade e adaptabilidade em cada local, serão discutidos os dados referentes apenas à variável volume, uma vez que ela tende a ser a característica mais representativa em um processo inicial de seleção de clones (MCKEAND et al., 2006; SANTOS et al., 2006; BELTRAME et al., 2012), além de ser uma característica de grande interesse comercial.

3.3. Ganhos genéticos

O ganho genético em relação à média geral do experimento, utilizando os cinco melhores clones do ordenamento para valores genotípicos, foi da ordem de 50,0% na seleção em todos os locais, sendo acima de 69% no sítio 1, de 57% no sítio 2 e valores acima de 100% nos sítios 3 e 4, no Estado do Paraná, Tabela 4, indicando boa possibilidade de ganho com a seleção nessas condições, com destaque para os sítios localizados no Paraná.

Porém, quando comparado à média das testemunhas do experimento (matrizes 161, 162 e 163), o ganho utilizando os mesmos cinco melhores clones diminuiu para valores entre 9% e 19% na avaliação conjunta de locais, 7% e 13% no sítio 1, 8% e 18% no sítio 2, 30% e 70% no sítio 3 e 15% e 30% no sítio 4 (Tabela 4). Isso indica menor possibilidade de ganho genético em relação à testemunha, quando comparado ao ganho relativo à média geral de todos os clones dos experimentos. Entretanto, observa-se um ganho expressivo, principalmente na análise individual dos sítios 3 e 4, sendo que a média dos cinco melhores clones

nesses ambientes foram 30% (sítio 3) e 9% (sítio 4) superiores à média obtida pelos 5 melhores clones na avaliação em todos os ambientes, Tabela 4, confirmando que a seleção em cada local será mais efetiva.

Tabela 4 –Ordenamento de clones de *Pinus taeda*, propagados via embriogênese somática, por seus valores genotípicos e ganhos preditos para o volume (m³/ha.ano), na análise conjunta entre os ambientes e em cada ambiente aos quatro anos de idade.

Ambiente	Ordenamento	Genótipo	g	u+g	Ganho	Nova média	Ganho em relação à média geral	Ganho em relação à média das testemunhas
Todos os ambientes	1	47	6,875	17,917	6,875	17,917	62,264%	19,444%
	2	149	5,625	16,667	6,250	17,292	56,604%	15,278%
	3	132	5,208	16,250	5,833	17,083	54,717%	13,889%
	4	238	4,583	15,625	5,625	16,667	50,943%	11,111%
	5	146	4,375	15,417	5,417	16,458	49,057%	9,722%
	6	163	4,167	15,417	5,208	16,250	47,170%	8,333%
	20	162	2,708	13,750	3,750	14,792	33,962%	-1,389%
	50	161	1,458	12,708	2,708	13,750	24,528%	-8,333%
Sítio 1	1	112	6,458	15,417	6,458	15,417	76,190%	13,846%
	2	132	6,042	15,000	6,250	15,208	73,810%	12,308%
	3	163	6,042	15,000	6,250	15,208	73,810%	12,308%
	4	139	5,208	14,167	6,042	14,792	69,048%	9,231%
	5	143	4,375	13,333	5,625	14,583	66,667%	7,692%
	10	162	3,542	12,500	4,792	13,750	57,143%	1,538%
	43	161	1,458	10,417	2,917	11,875	35,714%	-12,308%
Sítio 2	1	16	7,292	17,500	7,292	17,500	71,429%	18,310%
	2	7	6,875	16,875	7,083	17,292	69,388%	16,901%
	3	72	5,208	15,417	6,458	16,667	63,265%	12,676%
	4	73	5,208	15,417	6,042	16,250	59,184%	9,859%
	5	37	5,000	15,208	5,833	16,042	57,143%	8,451%
	7	162	4,375	14,583	5,417	15,625	53,061%	5,634%
	11	163	3,542	13,750	5,000	15,000	46,939%	1,408%
	30	161	1,875	11,875	3,542	13,750	34,694%	-7,042%
Sítio 3	1	47	23,750	38,958	23,750	38,958	179,104%	70,000%
	2	146	12,917	28,125	18,333	33,542	140,299%	46,364%
	3	149	12,917	28,125	16,458	31,875	128,358%	39,091%
	4	80	11,458	26,667	15,208	30,417	117,910%	32,727%
	5	132	11,042	26,458	14,375	29,792	113,433%	30,000%
	17	163	6,458	21,875	10,000	25,208	80,597%	10,000%
	44	162	3,333	18,750	6,667	21,875	56,716%	-4,545%
	49	161	3,125	18,333	6,458	21,667	55,224%	-5,455%
Sítio 4	1	238	10,625	20,625	10,625	20,625	130,233%	30,837%
	2	167	9,375	19,375	10,000	20,000	123,256%	26,872%
	3	173	6,875	16,875	8,958	18,958	111,628%	20,264%
	4	222	6,875	16,875	8,542	18,542	106,977%	17,621%
	5	233	6,667	16,667	8,125	18,125	102,326%	14,978%
	8	163	6,250	16,250	7,500	17,500	95,349%	11,013%
	14	162	3,333	13,333	6,042	16,042	79,070%	1,762%
	39	161	1,875	11,875	3,542	13,750	53,488%	-12,775%

g: efeitos genotípicos totais; u + g: valor genotípico predito. Os genótipos em destaque correspondem às testemunhas.

Os dados apresentados por Isik et al. (2005) corroboram os encontrados neste trabalho. Segundo estes autores, os volumes dos clones de *Pinus taeda* selecionados aos quatro anos de idade, em cada local, foram 27% e 31% maiores do que o volume médio de todos os clones testados. Entretanto, quando os autores relacionaram o ganho com as famílias utilizadas como controle, os ganhos foram da ordem de 4% a 13%. Os programas de melhoramento genético em *Pinus taeda* têm aumentado a produção volumétrica em 10-30% em relação às fontes não melhoradas (MCKEAND et al, 2003; MCKEAND et al., 2006).

A Tabela 4 mostra que a diferença entre os genótipos usados como testemunhas (matrizes 161, 162 e 163) para os melhores clones dos experimentos não foi grande. Isso indica que essas matrizes utilizadas apresentam bom desempenho na média dos ambientes, podendo ser consideradas plásticas e razoavelmente adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas de plantio.

A comparação dos ganhos genotípicos preditos em relação à testemunha comercial deve ser realizada, uma vez que o objetivo de um programa de melhoramento é sempre melhorar a média dos materiais genéticos plantados comercialmente na atualidade e não somente melhorar a média da população ao longo do tempo. Com essa constatação, é um desafio importante desenvolver materiais genéticos e critérios de seleção que maximizem o ganho genético dos novos materiais desenvolvidos em relação à média da testemunha comercial.

3.4. Estabilidade e adaptabilidade

Conforme comentado anteriormente, foi realizado o estudo de produtividade, estabilidade e adaptabilidade entre os locais (sítio1, sítio2, sítio3 e sítio, 4) com a finalidade de identificar materiais genéticos coincidentes entre os grupos de locais que apresentem adaptabilidade geral e previsibilidade alta, capazes de responder ao estímulo do ambiente e de serem estáveis, mantendo bom desempenho quando as condições ambientais forem desfavoráveis.

Verifica-se, por exemplo, que os cinco melhores clones com base nos critérios PRVG, MHVG e MHPRVG, Tabela 5, não coincidem totalmente com os cinco melhores clones pelo ordenamento de valores genotípicos preditos pela análise conjunta dos ambientes (Tabela 4). A coincidência foi de 80% entre os cinco melhores clones, tendo ocorrido inversão de ordem entre os coincidentes.

A seleção pelo critério da MHVG foi a que proporcionou maiores valores de ganhos genéticos, comparando a média dos cinco melhores clones à média geral do experimento para o volume (99%), seguida pelas estatísticas da PRVG (81%), MHPRVG (79%) e pela seleção considerando apenas a produtividade em todos os ambientes (54%) (Tabela 5). A seleção em cada sítio considerando a produtividade proporcionou valores da ordem de 135% no sítio 3, de 114% no sítio 4, de 72% no sítio 1 e de 64% sítio 2 (Tabela 4). Entretanto, para o caso de critérios de seleção, esses valores não devem ser comparados entre si, em termos de ganhos genéticos preditos, por terem com base características distintas (estabilidade, adaptabilidade e estabilidade + adaptabilidade).

A opção pela seleção individual, considerando o critério de produtividade, estabilidade e adaptabilidade (estatística da MHPRVG), por sua vez trará como vantagem a possibilidade de considerar os três atributos de forma simultânea, Tabela 5, considerando que esses novos atributos ou critérios de seleção proporcionarão um refinamento na seleção (RESENDE, 2007).

Comparando os ganhos obtidos com a MHPRVG em relação às testemunhas (matrizes 161, 162 e 163), a superioridade média desses cinco genótipos foi de 33,3% (Tabela 5). Quando se compara esse ganho com o ganho predito no ordenamento de valores genotípicos da análise conjunta entre os ambientes, Tabela 4, e também com a testemunha, observa-se que ele foi de 10%. Os valores apresentados para MHPRVG foram computados considerando a instabilidade induzida pelos locais e ao mesmo tempo capitalizando a capacidade de resposta (adaptabilidade) à melhoria do ambiente (RESENDE, 2007). A seleção dos 20 melhores clones de *Picea glauca* com base na altura, aos quatro anos após o plantio, produziu ganho genético médio de 4,3% (WAHID et al., 2012). Segundo os autores, esse resultado pode ser considerado importante para a seleção, considerando que o ganho genético é estático e qualquer acréscimo resulta em ganho na seleção.

Tabela 5 –Estabilidade de valores genotípicos (MHVG), adaptabilidade de valores genotípicos (PRVG) e estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos (MHPRVG) preditos pela análise BLUP, para o volume (m³/ha.ano) de clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática, aos quatro anos de idade.

Ordenamento	Estabilidade		Adaptabilidade			Estabilidade e Adaptabilidade		
	Genótipo	MHVG	Genótipo	PRVG	PRVG*MG	Genótipo	MHPRVG	MHPRVG*MG
1	<u>149</u>	28,125	<u>238</u>	2,062	22,917	<u>238</u>	2,062	22,917
2	<u>238</u>	20,625	<u>149</u>	1,844	20,417	<u>149</u>	1,844	20,417
3	148	20,417	<u>47</u>	1,721	19,167	<u>132</u>	1,707	18,958
4	159	19,583	<u>132</u>	1,707	18,958	222	1,678	18,542
5	<u>132</u>	19,167	222	1,678	18,542	233	1,659	18,333
6	157	18,958	233	1,659	18,333	47	1,604	17,708
7	155	18,958	219	1,566	17,292	219	1,566	17,292
8	150	17,708	143	1,535	17,083	143	1,534	17,083
9	143	17,083	163	1,519	16,875	163	1,507	16,667
10	222	16,875	146	1,497	16,667	146	1,415	15,625
11	233	16,667	139	1,427	15,833	139	1,409	15,625
12	47	16,458	112	1,412	15,625	95	1,404	15,625
13	139	16,250	95	1,406	15,625	68	1,371	15,208
14	163	16,250	184	1,405	15,625	16	1,370	15,208
15	112	16,042	16	1,401	15,625	184	1,359	15,000
16	160	15,833	68	1,388	15,417	69	1,351	15,000
17	219	15,833	167	1,378	15,208	112	1,344	15,000
18	95	15,000	69	1,361	15,000	148	1,339	14,792
19	146	15,000	125	1,360	15,000	162	1,338	14,792
20	156	14,792	162	1,343	15,000	125	1,331	14,792
-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	162	14,375	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-	-	-
-	161	12,500	161	1,181	13,125	161	1,181	13,125
Média Geral (MG)	11,042							
	Ganho genético em relação à média do experimento (cinco melhores clones)						79,60%	
	Ganho genético em relação à média das testemunhas (cinco melhores clones)						33,38%	

Obs: Clones sublinhados são os cinco melhores do ordenamento de valores genotípicos preditos, na seleção conjunta entre os ambientes, presentes também no ordenamento da seleção para estabilidade e produtividade.

Isso significa um ganho adicional de 10% em relação à testemunha, quando se utiliza a seleção simultânea por adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos (MHPRVG). Segundo Resende (2007), isso ocorre porque, com a seleção simultânea nos novos materiais genéticos, capitaliza-se o ganho com a interação média entre os ambientes, o que não ocorre com o material genético usado como testemunha, pois ele está com muitas repetições nos ensaios, e sua herdabilidade em nível de médias tende a ser igual a 1,0 em cada ensaio. De acordo com Anputhas et al. (2011), a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade e estabilidade é essencial para regiões com diferentes ambientes produtivos, ou com estações climáticas marcantes.

As estimativas do ganho de seleção e da média esperada pelos critérios de produtividade e estabilidade (MHVG), produtividade e adaptabilidade (PRVG*MG), produtividade e estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG*MG), Tabela 5, apresentaram ganhos esperados inferiores aos obtidos por local (Tabela 4). Essa menor estimativa está associada à seleção dos clones que apresentam bons desempenhos em ambos os ambientes, mas não sendo, necessariamente, os melhores

de cada ambiente. A interação reduz a correlação entre os valores genotípicos e fenotípicos, ocasionando também uma diminuição dos ganhos genéticos com a seleção (NUNES, 2002). Isto era esperado, tendo em vista que o maior ganho é obtido nos casos de seleção direta para a característica de interesse e para o local específico. Os resultados apresentados corroboram aqueles encontrados por Martinez et al. (2012) em famílias de *Pinus taeda*.

Conforme dito anteriormente, o objetivo de um programa de desenvolvimento de clones para plantios comerciais é sempre superar o clone plantado operacionalmente na atualidade (testemunha). Dessa maneira, pode-se considerar que, para a situação estudada, a seleção, considerando a adaptabilidade e estabilidade simultaneamente, proporcionou ganhos próximos a 10% e pode ser utilizada para recomendação de novos clones dentro do programa de melhoramento genético da empresa. Resultado semelhante foi apresentado por Sun (2004), avaliando a adaptabilidade e estabilidade de famílias introduzidas de *Pinus taeda* na província de Fujian, na China, que encontrou diferença entre famílias e entre locais. O autor pôde identificar famílias específicas por local para produtividade e, no conjunto de locais, algumas famílias selecionadas com foco em adaptabilidade e estabilidade.

4. CONCLUSÕES

Com base nos valores de acurácia e da correlação genotípica através dos ambientes, conclui-se que a seleção pelo caráter volume pode ser praticada a partir do quarto ano após o plantio.

A presença de variabilidade genética significativa para os caracteres *dap*, altura total e volume nos testes clonais permite a seleção de indivíduos superiores.

Em decorrência da alta magnitude da interação “*genótipo x ambiente*” envolvendo os clones nos dois Estados, não se pode adotar um único programa de seleção, sendo necessária a seleção de clones específicos para os diferentes ambientes. Outra opção é a adoção de um único programa, porém fazendo uso também na seleção desses clones, de seus atributos de adaptabilidade e estabilidade.

Com a seleção simultânea por estabilidade e adaptabilidade, os ganhos aumentaram em 10% em relação à média das testemunhas comerciais em comparação com a seleção pelos valores genotípicos preditos.

Esses ganhos estimados são um indicativo de que a técnica de embriogênese somática é eficiente na propagação de clones com bons potenciais produtivos, agregando maior eficiência aos programas de melhoramento genético do *Pinus taeda*.

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

ALCANTARA, G. B.; RIBAS, L. L. F.; HIGA, A. R.; RIBAS, K. C. Z. Efeitos do ácido indolbutírico (AIB) e da coleta de brotações em diferentes estações do ano no enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 36, n. 78, p. 151-156, 2008.

ALCANTARA, G. B.; RIBAS, L. L. F.; HIGA, A. R.; ZUFFELLATO-RIBAS, K. C.; KOEHLER, H. S. Efeito da idade da muda e da estação do ano no enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. **Revista Árvore**. Viçosa, v. 31, n. 3, p. 399-404, 2007.

ALFENAS, A. C.; ZAUZA, E. A. V.; MAFIA, R. G.; ASSIS, T. F. **Clonagem e doenças do eucalipto**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2009. 500p.

ANDREJOW, G. M. P.; HIGA, A. R. Potencial de enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. provenientes de brotação apical de mudas jovens. **FLORESTA**, Curitiba, PR, v. 39, n. 4, p. 897-903, 2009.

ANPUTHAS et al., Stability and adaptability analysis of rice cultivars using environment-centered yield in two-way ANOVA model. **Communications in Biometry and Crop Science**.v. 6, n. 2, p. 80–86, 2011.

ATWOOD, R. A., T. L. WHITE and D. A. HUBER: Genetic parameters and gains for growth and wood properties in Florida source loblolly pine in the southeastern United States. **Canadian Journal of Forest Research**, v.32, p. 1025–1038, 2002.

BALTUNIS, B. S., HUBER, D. A.; WHITE, T. L.; GOLDFARB, B.; STELZER, H. E.. Genetic analysis of early field growth of loblolly pine clones and seedlings from the same full-sib families. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 37, p. 195–205, 2007.

BELTRAME, R.; BISOGNIN, D. A.; MATTOS, B. D.; CARGNELUTTI, A.; HASELEIN, C. R.; GATTO, D. A.; SANTOS, G. A. dos. Desempenho silvicultural e seleção precoce de clones de híbridos de eucalipto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.47, n.6, p. 791-796, jun. 2012.

CAGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42,n.1, p.17-24, 2007.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 1, 3. ed., Viçosa: UFV, 2004. 480 p.

DEAN, C. A. Genetic Parameters of Somatic Clones of Coastal Douglas-fir at 5 1/2-Years across Washington and Oregon, USA. **Silvae Genetica**, v. 57, p. 269-275, 2008.

DUDA, L. L. **Seleção genética de árvores de *Pinus taeda* L. na região de Arapoti, Paraná.** 60 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2003.

FRAMPTON, J.; HUBER, D.A. **Clonal variation in four-year old loblolly pine in coastal North Carolina.** In the Proceedings of the 23rd Southern Forest Tree Improvement Conference, 20– 22 June 1995, Ashville, N.C. National Technical Information Services, Springfield, p. 254–264, 1995.

GWAZE, D. P.; BRIDGWATER, F. E.; BURAM, T. D.; LOWE, W. J. Genetic parameter estimates for growth and wood density in loblolly pine (*Pinus taeda* L.). **Forest genetics**, v. 8, n. 1, p. 47-55, 2001.

ISIK, F., LI, B.; FRAMPTON, J. Estimates of additive, dominance and epistatic genetic variances from a clonally replicated test of loblolly pine. **Forest Science**, v. 49, n.1, p.77-88,2003.

ISIK, F.; GOLDFARB, B.; LEBUDE, A.; LI, B.; MCKEAND, S. Predicted genetic gains and testing efficiency from two loblolly pine clonal trials. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 35, p. 1754-1766, 2005.

KLABIN. **Plano de manejo florestal 2011:** resumo público Telêmaco Borba – PR. Telêmaco Borba:Klabin, 2011. 24 p.

KLABIN. **Plano de manejo florestal:** resumo público Santa Catarina. Otacílio Costa: Klabin, 2009. 12 p.

KRONKA, F. J. N.; BERTOLANE, F.; PONCE, R. H. **A cultura do Pinus no Brasil.** 1. ed. São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 2005,156 p.

MARTINEZ, D. T.; RESENDE, M. D. V. de; COSTA, R. B. da; HIGA, A. R.; SANTOS, G. A. dos; FIER, I. S. N. Estudo da interação genótipo x ambiente em progênies de *Pinus taeda* por meio da análise de parâmetros genéticos. **Floresta**, Curitiba, PR, v. 42, n. 3, p. 539 – 552, 2012.

MCKEAND, S.E.; JOKELA, E.J.; HUBER, D.A.; BYRAM, T.D.; ALLEN, H.L.; LI, B.; MULLIN, T. J. Performance of improved genotypes of loblolly pine across different soils, climates and silvicultural inputs. **Forest Ecology Management**, v. 227, n.1–2, p. 178–184, 2006.

MCKEAND, S. E.; LI, B.; GRISSOM, J. E.; ISIK, F.; JAYAWICKRAMA, K. J. S. Genetic Parameter Estimates for Growth Traits from Diallel Tests of Loblolly Pine Throughout the Southeastern United States. **Silvae Genetica**, v. 57, n. 3, p. 101-110, 2008.

MCKEAND, S.; MULLIN, T.; BYRAM, T.; WHITE, T. Deployment of genetically improved loblolly and slash pines in the South. **Forestry.**, v. 101, p. 32–37, 2003.

NUNES, G. H. S.; REZENDE, G. D. S. P.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Implicações da interação genótipos x ambientes na seleção de clones de eucalipto. **Revista Cerne**, Lavras, v. 8, n. 1, p. 49 - 58, 2002.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; FERNANDES, J. S. C.; RESENDE, M. D. V. Avaliação e seleção precoce para crescimento de *Pinus taeda*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 12, p. 1719 - 1726, 2002.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; MORA, A. L.; MAESTRI, R. Interação de genótipos de *Pinus taeda* L. com locais no sul-sudeste do Brasil. **Revista Cerne**, v. 7, n. 1, p. 90 - 100, 2001.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; SHIMOYAMA, V. R. S.; MORA, A. L. Seleção precoce para incremento simultâneo do crescimento e da qualidade da madeira em *Pinus taeda* L. Boletim de Pesquisa Florestal. Colombo. **Embrapa Florestas**, n. 46, p. 31 - 46, 2003.

PULLMAN, G. S.; CHOPRA, R.; CHASE, K. M. Loblolly pine (*Pinus taeda* L.) somatic embryogenesis: improvements in embryogenic tissue initiation by supplementation of medium with organic acids, vitamins B₁₂ and E. **Plant Science**, v. 170, p. 648-658, 2006.

PULLMAN, G.S.; BUCALO, K. Pine somatic embryogenesis using zygotic embryos as explants. **Methods in Molecular Biology**, v. 710, p. 267-291, 2011.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002a. 975 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Selegem – Reml/Blup: Sistema estatístico e Seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa florestas, 2007, 361p.

RESENDE, M. D. V. de. **Software SELEGEN-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002b. 67 p. (Embrapa Florestas, Documentos 77).

RESENDE, M. D. V. de; ROSA-PEREZ, J. R. H. **Genética quantitativa e estatística no melhoramento animal**. Curitiba: Imprensa Universitária, Universidade Federal do Paraná, 1999. 494p.

ROTH, B. E.; JOKELA, E. J.; MARTIN, T. A., HUBER, D. A.; WHITE, T. L. Genotype _ environment interactions in selected loblolly and slash pine plantations in the Southeastern United States. **Forest Ecology and Management**, v. 238, p. 175–188, 2007.

SANTOS, G.A.; XAVIER, A.; LEITE, H.G. Desempenho silvicultural de clones de *Eucalyptus grandis* em relação às árvores matrizes. **Revista Árvore**, v.30, n.5, p. 737-747. 2006.

SIERRA-LUCERO, V.; HUBER, D. A.; MCKEAND, S. E.; WHITE, T. L.; ROCKWOOD, D. L. Genotype-by-environment interaction and deployment considerations for families from Florida provenances of loblolly pine. **Forest Genetics**, v.10, p.85–92, 2003.

SUN, X. The adaptability and stability evaluation on introduced families of *Pinus taeda*. **Journal of Anhui Agricultural University**. v. 31, n. 3, p. 363 - 367, 2004.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.

WAHID, N.; RAINVILLE, A.; LAMHAMEDI, M. S.; MARGOLIS, H. A.; BEAULIEU, J.; DEBLOIS, J. Genetic parameters and performance stability of white spruce somatic seedlings in clonal tests. **Forest Ecology and Management**, v. 270, p.45–53, 2012.

WHITE, T. L.; ADAMS, W. T.; NEALE, D. B. **Forest genetics**. CABI International, Wallingford, UK., 2007, 661 p.

WISE, F.; CALDWELL, T. Macropropagation of conifers by stem cuttings. In: Proceedings of the Southern regional information Exchange Group Biennial Symposium on Forest Genetics: Applications of Vegetative Propagation in Forestry. **Huntsville**, p. 51-73, 1994.

XAVIER, A.; WENDLING, I.; SILVA, R. L. **Silvicultura clonal - Princípios e Técnicas**. 2 ed., Viçosa, MG: Ed. UFV, 2013. 279p.

XIANG, L.; LI, B.; ISIK, F. Time Trend of Genetic Parameters in Growth Traits of *Pinus taeda*. **Silvae Genetica**, v. 52, n. 3-4, p. 114-121, 2003.

YEISER, J. L.; LOWE, W.; J. P. VAN BUIJTENEN: Stability and seed movement for loblolly pine in the Western Gulf Region. **Silvae Genetica**, v.50, p. 81–88, 2001.

ZOBEL, B. Vegetative propagation in production forestry. **Journal of Forestry**, v. 90, n.4, p. 29-33, 1992.

ZOBEL, B.; J. TALBERT. **Applied Forest Tree Improvement**. The Blackburn Press, Caldwell, NJ, Reprint of First Edition, 1984. 2003, 505 p.

Correlação genética juvenil-adulta em clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática

RESUMO – Este trabalho objetivou estimar a correlação genética entre idades de seleção (juvenil-adulta) e eficiência da seleção precoce para as características altura, diâmetro (*dap*) e volume de indivíduos de famílias de *Pinus taeda*, propagados via embriogênese somática, bem como estudar formas de avaliação dos parâmetros genéticos (medida única ou medidas repetidas). O estudo foi realizado por meio de análise genético-estatística pelo procedimento de estimação de componentes de variância (Reml) e de predição de valores genéticos (Blup), usando o software Selegen-Reml/Blup. As correlações genéticas entre idades juvenis e idade de rotação foram feitas aplicando o modelo linear desenvolvido por Lambeth (1980). Segundo os resultados do modelo estabelecido, a seleção precoce pode ser feita em clones de *Pinus taeda* com alta eficiência de seleção. As idades de 4 a 6 anos são suficientes para selecionar clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática para colheita aos 8 e 12 anos, e as idades de 6 a 10 anos são suficientes para selecionar para colheita aos 20 anos. De acordo com as estimativas de correlação genotípica através dos ambientes, a seleção de clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática deve ser praticada de forma específica para cada ambiente. Pode-se fazer a seleção de clones considerando o diâmetro (*dap*), visto a alta correlação observada entre volume e diâmetro. A análise de medidas repetidas não produziu valores superiores de acurácia em relação à análise univariada na estimação dos parâmetros genéticos de clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática.

Palavras-chave – Melhoramento florestal; silvicultura clonal e seleção precoce.

1. INTRODUÇÃO

A técnica de embriogênese somática tem sido proposta para utilização em programas de melhoramento genético de *Pinus taeda* na propagação de genótipos superiores (ISIK et al 2005; PULLMAN e BUCALO, 2011). Outras técnicas de propagação clonal, a exemplo da estaquia e miniestaquia, têm apresentado limitações na propagação desta espécie pela dificuldade de enraizamento das estacas de material vegetativo na fase adulta (WISE e CALDWELL, 1994; ALCANTARA et al., 2007; 2008; ANDREJOW e HIGA, 2009). Entretanto, com a aplicação da embriogênese somática, a utilização de clones, tanto nos programas de melhoramento genético, quanto nos plantios comerciais, tem sido proposta como viável, pela utilização de propágulos juvenis (MACKAY et al., 2006; PULLMAN et al., 2006; ALCANTARA et al., 2008; ANDREJOW et al., 2009; PULLMAN et al., 2011).

A embriogênese somática apresenta outras aplicações, a exemplo do armazenamento a longo prazo de tecido embrionário por meio da criopreservação, possibilitando a conservação genética (BENOWICZ et al, 2002; PULLMAN et al., 2003; GROSSNICKLE e FOLK, 2005; MALABADI et al., 2011); perspectiva de manipulação automática dos embriões somáticos (CYR e KLIMASZEWSKA, 2002; GROSSNICKLE e FOLK, 2005; WALTER et al., 2013); e aumento da uniformidade entre propágulos e propagação de genótipos elite recalcitrantes a outras técnicas de propagação vegetativa (MACKAY et al., 2006; PULLMAN et al., 2006; PULLMAN e BUCALO, 2011; WALTER et al., 2013). Entretanto, a possibilidade de evitar os problemas relacionados à maturação dos tecidos tem sido proposta como a principal aplicação da embriogênese somática (PULLMAN et al., 2006; ANDREJOW e HIGA, 2009; PULLMAN et al., 2011; WAHID et al., 2012).

A integração da embriogênese somática com a seleção precoce em programas convencionais de melhoramento genético tem possibilitado ganho genético expressivo, juntamente com implantação mais rápida e flexível de genótipos superiores. Algumas pesquisas avaliando o desempenho genético de clones propagados via embriogênese somática em testes clonais, como as desenvolvidas por Dean (2008) em *Pseudotsuga menziesii*, O'Neill et al. (2005) e Wahid et al. (2012) em *Picea glauca*, vêm demonstrando a aplicabilidade da embriogênese somática.

A seleção precoce aplicada ao melhoramento genético apresenta algumas vantagens: testes genéticos menores, com espaçamentos mais fechados; ganho

genético rápido; facilidade de medição; e diminuição no intervalo entre as gerações de seleção (LAMBETH, 1980; RESENDE et al., 1994; WU, 1998; PIRES et al., 2011).

No entanto, a adoção da seleção precoce tem visado principalmente à redução da duração do ciclo de melhoramento (LAMBETH, 1980; MCKEAND, 1988; MATHESON et al., 1994; MCKEAND et al., 2006; DEAN, 2008), diminuindo o tempo requerido para a avaliação e seleção, maximizando os ganhos genéticos por unidade de tempo (ano) (RESENDE et al., 1994; LAMBETH e DILL, 2001; GONÇALVES et al., 2005; DEAN, 2008; PIRES et al., 2011). Assim, na seleção precoce, caracteres avaliados em idades prévias à de rotação são utilizados como preditores de caracteres economicamente importantes na idade de rotação (DEAN, 2008; RESENDE, 1995; PIRES et al., 2011).

Alguns pesquisadores desenvolveram modelos matemáticos que podem relacionar a correlação genética existente na idade juvenil com a idade de rotação da cultura, com o mínimo de perdas no ganho genético (LAMBETH 1980; MAGNUSSEN, 1989; KANG 1991; MAGNUSSEN e YANCHUKA, 1993; WU, 1998; LAMBETH e DILL, 2001). O modelo comumente utilizado para prever as correlações entre diferentes idades de seleção foi desenvolvido por Lambeth (1980) e ajustado para correlações genéticas entre idade juvenil e idade adulta em *Pinus taeda* (LAMBETH e DILL, 2001), tendo como essência encontrar a idade mínima para seleção com ganho genético máximo.

Diante do exposto, objetivou-se, com este trabalho, estimar a correlação genética entre idades de seleção (juvenil-adulta) e eficiência da seleção precoce para as características altura, diâmetro e volume em testes clonais de indivíduos de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática, considerando três idades de avaliação (um e três e quatro anos). Visou-se também estimar a correlação genética entre as características de seleção e os ambientes avaliados, além de estudar os parâmetros genéticos, considerando as avaliações em cada ano como colheitas independentes (medida única) ou como colheitas sucessivas (medidas repetidas).

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Área experimental e germoplasma utilizado

O estudo foi realizado por meio de análise genético-estatística de parte da rede experimental de *Pinus taeda* da Klabin S.A., composta por 238 clones propagados via embriogênese somática. Os dados foram obtidos de avaliações realizadas em quatro testes clonais, dois localizados no Estado do Paraná e dois em Santa Catarina.

Segundo a classificação climática de Köppen, a região do Estado de Santa Catarina onde estão localizados os sítios 1 e 2 caracteriza-se como Cfb (KLABIN, 2009), e a área do Estado do Paraná onde estão alocados os sítios 3 e 4 encontra-se em uma região de transição climática entre Cfa e Cfb (KLABIN, 2011). Os sítios 1 e 2 apresentam temperaturas médias inferiores e um maior número de geadas do que os sítios 3 e 4. Com relação à classificação do solo, o sítio 1 é classificado como cambissolo húmico, alumínico, léptico, textura argilosa, relevo suave ondulado e ondulado; o sítio 2 é classificado como latossolo bruno, alumínico, textura argilosa, relevo suave ondulado e ondulado; o sítio 3 é classificado como cambissolo háplico, textura média, relevo ondulado e forte ondulado; e o sítio 4, como neossolo quartzarênico, textura arenosa e média leve, relevo suave ondulado e forte ondulado.

O germoplasma utilizado para a implantação dos testes foi composto pelas melhores famílias do programa de melhoramento da empresa (polinização livre e controlada), propagadas via embriogênese somática. A princípio, os melhores indivíduos das famílias elite foram selecionados e seus cones imaturos foram coletados e destinados à propagação clonal pela via da embriogênese somática. Por meio dos embriões zigóticos imaturos, foram obtidos embriões somáticos individualizados por planta, sendo parte deles criopreservados e a outra parte enviada à Klabin, visando à obtenção de mudas para serem utilizadas na implantação dos testes clonais no campo.

2.2. Delineamento experimental

Os testes clonais foram implantados nos estados do Paraná e Santa Catarina em 2007. O delineamento experimental foi o de blocos incompletos, com espaçamento de 3 m x 2 m, com uma planta por parcela, em quatro locais (sítios),

dois em Santa Catarina e dois no Paraná. Cada sítio foi dividido em dois experimentos, mesmo estando em um mesmo ambiente, em função do grande número de clones e da área ocupada pelos blocos. O número de blocos e de clones avaliados variou de acordo com o experimento (Tabela 1). Como testemunha comparativa, foram utilizados três lotes de sementes comerciais.

Tabela 1 – Descrição dos testes clonais instalados com clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática.

Estado	Local	Experimentos	Clones	Nº blocos	Plantas/parcela
SC	Sítio1	1	1-35	12	1
			36-147	6	
		2	164-178	12	1
			179-215	6	
	Sítio2	1	1-94	6	1
		2	164-193	6	1
PR	Sítio3	1	1-54	12	1
			55-160	6	
		2	164-196	6	1
			1-110	6	
	Sítio4	1	164-179	12	1
		2	164-238	6	
Total geral de clones diferentes:					238
Clones comuns nos quatro ambientes:					126

2.3. Coleta de dados

Foram feitas medições, nos clones de *Pinus taeda*, dos caracteres diâmetro – *dap* (em cm, medido a 1,30 m de altura), altura total – *Ht* (em m), volume – *Vol* (m³) e sobrevivência nas idades de 1, 3 e 4 anos.

O *dap* foi medido com uma fita diamétrica e a altura, obtida com o uso do relascópio. Para o cálculo do volume, foi utilizada a fórmula

$$Vol = (3,1416 \cdot dap^2/4) \cdot Ht \cdot 0,5,$$

em que *dap*: diâmetro a 1,3 metros de altura; *Ht*: altura total.

A sobrevivência foi avaliada pela contagem do número de árvores vivas por clone no experimento, no momento das medições de *dap* e *Ht* (1, 3 e 4 anos de idade).

2.4. Estimativas de parâmetros genéticos e estatísticas

As análises foram realizadas pelo procedimento de estimação de componentes de variância (Reml) e de predição de valores genéticos (Blup), usando o software Selegen-Reml/Blup (RESENDE, 2002). Para a estimação dos componentes de variância, as variáveis foram avaliadas individualmente por local, considerando as

avaliações em cada ano como colheitas independentes (medida única), e avaliação em vários locais e em várias colheitas, considerando as avaliações tomadas nos diferentes anos de coleta como colheitas sucessivas (medidas repetidas).

Na avaliação dos indivíduos reunidos em cada local e em uma só colheita, as variáveis foram analisadas usando modelo linear misto univariado do software Selegen-Reml/Blup, apresentado por Resende (2002), como segue:

$$y = Xr + Zg + Wb + e,$$

em que: \mathbf{y} = vetor de dados; \mathbf{r} = vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; \mathbf{g} = vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios); \mathbf{b} = vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios); \mathbf{e} = valor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Foram realizadas análises em várias colheitas em cada um dos quatro sítios. A estimação de parâmetros genéticos foi realizada utilizando o seguinte modelo linear misto no delineamento de blocos incompletos:

$$y = X\mathbf{m} + Z\mathbf{g} + W\mathbf{b} + Q\mathbf{p} + T\mathbf{i} + e,$$

em que: \mathbf{y} = vetor de dados; \mathbf{m} = vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; \mathbf{g} = efeito dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios); \mathbf{b} = vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios); \mathbf{p} = vetor de ambiente permanente (parcelas no acaso) (aleatórios); \mathbf{i} = vetor dos efeitos da interação genótipos x medições; e \mathbf{e} = vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Com os valores genéticos preditos, foram obtidas as correlações genéticas entre os caracteres avaliados.

2.5. Correlação genética entre diferentes idades

O modelo desenvolvido por Lambeth (1980) foi utilizado para prever correlações genéticas entre idades para *dap*, altura e volume em cada local de avaliação. A equação é representada por:

$$\hat{r}_{A(T1,T2)} = a + b(\text{LAR})$$

em que $\hat{r}_{A(T1,T2)}$ é a correlação genética estimada entre as idades T1 (precoce) e T2 (final – idade de corte); \mathbf{a} é o intercepto; \mathbf{b} = o coeficiente de regressão; e LAR (logaritmo natural da divisão entre idade precoce e idade de rotação) = $\log_e (T1 / T2)$. Como Lambeth e Dill (2001) demonstraram que LAR^2 é uma variável independente para melhor prever as correlações genéticas entre idades que LAR sozinho, fez-se a correlação genética usando tanto o LAR como o LAR^2 .

A eficiência da seleção precoce foi examinada para as características estudadas, assumindo a mesma intensidade de seleção para idade precoce e idade de avaliação final, e a eficiência da seleção precoce foi obtida pela equação proposta por Lambeth (1980):

$$E = (\hat{r}_{A(T_1, T_2)} T_2) / T_1$$

em que **E** = eficiência da seleção precoce em relação ao ganho com a seleção na idade de corte, ou seja, **E** = 1 para a seleção na idade de rotação; **T** = tempo requerido para uma geração de seleção; e $\hat{r}_{A(T_1, T_2)}$ é a correlação genética estimada entre as idades **T1** (precoce) e **T2** (final – idade de corte).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Avaliação dos parâmetros genéticos

Considerando todos os caracteres avaliados (diâmetro, altura e volume) nos quatro ambientes, foram observados, em geral, valores similares para a acurácia da seleção quando as avaliações foram processadas como colheitas independentes ou conjuntamente como medidas repetidas. As acurácias estimadas variaram entre 0,60 e 0,90, indicando boa segurança na seleção (Tabela 2). Isto indica que a avaliação dessa rede experimental usando análise de medidas repetidas não contribui para o aumento da eficiência seletiva.

Ao longo dos anos, a acurácia aumenta de maneira progressiva, sendo observadas maiores acurácias para todas as características de seleção no quarto ano (Tabela 2). Em coníferas, tem-se observado um progressivo aumento da acurácia ao longo dos anos até sua estabilização em idades próximas à de rotação da cultura (ISIK et al., 2003; JANSSON et al., 2003; ISIK et al., 2005; WENG et al., 2007).

Tabela 2 – Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres altura (*Ht*), diâmetro (*dap*) e volume (*vol*) em clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática, nas idades de um, três e quatro anos, localizados em quatro ambientes diferentes, considerando as medidas como únicas ou repetidas.

Parâmetro	Ano	Sítio1			Sítio2			Sítio3			Sítio4		
		<i>Ht</i>	<i>dap</i>	<i>vol</i>									
Medida única													
Acclon	1	0,654	0,581	0,600	0,830	0,785	0,810	0,841	0,795	0,823	0,812	0,785	0,797
	3	0,796	0,757	0,752	0,855	0,832	0,846	0,849	0,878	0,879	0,817	0,837	0,844
	4	0,782	0,767	0,758	0,786	0,856	0,860	0,781	0,850	0,856	0,844	0,829	0,847
Medidas repetidas													
r		0,97	0,93	0,77	0,96	0,91	0,76	0,95	0,91	0,75	0,91	0,94	0,82
		+-	+-	+-	+-	+-	+-0,05	+-	+-	+-	+-	+-	+-
		0,04	0,04	0,04	0,06	0,06		0,04	0,04	0,04	0,05	0,05	0,05
Acclon	1, 3 e 4	0,787	0,756	0,641	0,648	0,687	0,5407	0,848	0,837	0,705	0,648	0,798	0,689

r: Coeficientes de repetibilidade; Acclon: acurácia da seleção de genótipos

As estimativas de repetibilidade foram de alta magnitude, variando para a altura entre 91% a 97%, para o diâmetro entre 91% a 94 % e para o volume entre 75% a 82% (Tabela 2). O coeficiente de repetibilidade revela a correlação entre as medidas de determinado caráter em um mesmo indivíduo (CRUZ et al., 2012) e, de acordo com Falconer (1981), representa o limite superior do coeficiente de

herdabilidade. Assim, valores altos da estimativa de repetibilidade do caráter indicam que é possível prever o valor real do indivíduo com um número relativamente pequeno de medições (CRUZ et al., 2012), indicando que haverá pouco ganho com o aumento do número de medidas repetidas.

Neste estudo, os caracteres se manifestaram com muita constância, Tabela 2, não havendo necessidade de medidas repetidas para que a avaliação e, ou, caracterização fenotípica fosse feita com precisão. Corroborando com os resultados apresentados para a acurácia, as estimativas de repetibilidade, também indicam que a avaliação dessa rede experimental usando análise de medidas repetidas não contribuiu para o aumento da eficiência seletiva.

3.2. Correlação genética

As estimativas das correlações genéticas evidenciaram baixas associações entre sobrevivência e as demais características de seleção nas três idades de avaliação (Tabela 3). Os valores dessas estimativas foram maiores para as correlações entre o volume e o *dap* em todos os anos de avaliação (0,88 no primeiro ano, 0,95 no terceiro ano e 0,93 no quarto ano), quando comparados com aqueles obtidos entre o volume e a altura para os clones testados nos três anos de avaliação, considerando análise conjunta para todos os ambientes (Tabela 3). Uma correlação alta entre o volume e o *dap* significa que a seleção com base no *dap* representa o volume com uma adequada exatidão (Tabela 3).

Tabela 3 – Correlação genética entre as características de seleção altura total (*Ht*), diâmetro (*dap*), sobrevivência (*sob*) e volume (*vol*) de clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática, nos três anos de medição.

Ano	Correlações genéticas					
	<i>htx dap</i>	<i>htx sob</i>	<i>htx vol</i>	<i>dapx sob</i>	<i>dapx vol</i>	<i>sobx vol</i>
Ano 1	0,890	0,171	0,869	0,197	0,887	0,202
Ano 3	0,881	0,217	0,874	0,236	0,952	0,171
Ano 4	0,523	0,103	0,456	0,251	0,932	0,353

As correlações genéticas entre *dap* e altura, de forma similar, foram altas, sendo positivas e superiores a 0,88 no primeiro e no terceiro ano (Tabela 3). Entretanto, ocorreu uma tendência de diminuição das correlações em função dos anos, sendo observada, no quarto ano, menor correlação entre esses caracteres (0,52).

Correlações altas entre características de crescimento também foram encontradas por Paludzyszyn Filho et al. (2002) e por Martinez et al. (2012) em

Pinus taeda propagados via seminal. Fortes correlações genotípicas positivas para características de crescimento também foram obtidas em clones de *Pseudotsuga menziesii* propagados via embriogênese somática (DEAN, 2008). Segundo Xiang et al. (2003), o *dap* e o volume, em *Pinus taeda* propagado pela via seminífera, apresentaram maior correlação genética ao longo dos oito anos de estudo, variando de 0,8 a 0,9. Em clones propagados via embriogênese somática de *Picea glauca*, quatro anos após o plantio, o *dap* e o volume também apresentaram maior correlação genética, próxima a 0,8 (WAHID et al., 2012).

Observando a evolução da correlação da altura, nos três anos de avaliação, com as demais características de avaliação, Tabela 3, pode-se inferir que ocorreu diminuição dessas correlações. Os dados obtidos para altura geralmente apresentaram menor precisão de mensuração em comparação com o diâmetro, sendo, portanto, mais sujeitos aos erros de medição (XIANG et al., 2003).

Em função dos altos valores observados para as correlações genéticas entre os caracteres de crescimento, o *dap* é suficiente para a seleção nas três idades. As correlações genéticas entre os caracteres avaliados foram sempre positivas, Tabela 3, indicando que a resposta à seleção no outro caráter será sempre positiva. Correlações elevadas e positivas sugerem que a seleção para um caráter deve levar a consistentes respostas nos outros caracteres.

A Tabela 4 mostra a correlação genética através dos locais para o caráter volume, nas três idades, quando os locais foram avaliados dois a dois. Somente a correlação entre o sítio 1 e o sítio 2, no primeiro ano de avaliação (0,64), pode ser considerada alta (RESENDE e DUARTE, 2007). Para as demais combinações, a correlação foi de moderada a baixa magnitude, indicando a importância da seleção de clones específicos para esses ambientes. Além das baixas correlações e altas interações genótipo ambiente, foram observadas correlações e interação “*genótipo x ambiente*” de magnitudes próximas entre pares de locais no quarto ano. Segundo Resende (2002), uma população de melhoramento única, com seleção de materiais estáveis (seleção pela média de locais), deve ser adotada quando o valor da correlação genética entre locais estiver entre 0,70 e 0,90.

Tabela 4 – Correlação genética entre os ambientes avaliados dois a dois no primeiro, terceiro e quarto ano de idade, para a característica volume (m³) de clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática.

Ano	Correlações genéticas					
	Sítio1xSítio2	Sítio1xSítio3	Sítio1xSítio4	Sítio2xSítio3	Sítio2xSítio4	Sítio3xSítio4
Ano 1	0,637	0,250	0,326	0,349	0,258	0,590
Ano 3	0,371	0,337	0,547	0,401	0,484	0,555
Ano 4	0,404	0,429	0,511	0,544	0,384	0,487

Com base nesses resultados, pode-se afirmar que o programa de melhoramento genético para esses ambientes, visando à produção de indivíduos para instalação de testes clonais e posterior seleção para plantios comerciais, deverá levar em consideração os quatro ambientes distintamente (sítio 1, sítio 2, sítio 3 e sítio 4). As baixas estimativas de correlação podem se refletir em alterações na ordem entre os genótipos, quando cultivados em diferentes ambientes, pois as diferenças absolutas entre os genótipos mudam com o ambiente e as condições silviculturais (ROTH et al., 2007) .

Paludzyszyn Filho et al. (2001) avaliaram progênies de *Pinus taeda* em quatro diferentes locais e, também, sugerem que o programa de melhoramento deve ser específico por local em função da baixa correlação entre os ambientes. Por outro lado, Martinez et al. (2012) sugerem para *Pinus taeda* propagado pela via seminífera um único programa de melhoramento para diferentes locais estudados em decorrência da alta correlação genética entre os ambientes. Dean (2008) e Wahid et al. (2012) observaram, em clones propagados via embriogênese somática de *Pseudotsuga menziesii* e *Picea glauca*, respectivamente, alta correlação genética entre os diferentes testes clonais para todas as características de crescimento. A opção pela seleção por local ou conjunta depende diretamente dos genótipos selecionados em cada local, suas herdabilidades e suas correlações genéticas.

3.3. Correlação genética entre diferentes idades

A Tabela 5 apresenta as estimativas de correlação genética entre as idades de um, três e quatro anos, nos quatro ambientes estudados para as características altura, *dap*, sobrevivência e volume, observando-se maiores correlações entre três e quatro anos, com pouca variação entre os diferentes locais: entre 87% a 91% no sítio 1; 92% a 97% no sítio 2; 70% a 94% no sítio3; e 94% a 97% no sítio 4. Esses resultados estão de acordo com outros estudos de *Pinus taeda* propagado pela via seminífera, abordando a correlação genética para caracteres de crescimento entre

diferentes idades (GWAZE et al., 2001; PALUDZYSZYN FILHO et al., 2002; XIANG et al., 2003).

Tabela 5 – Correlações genéticas entre as idades de seleção (1 – 3, 1 – 4, e 3 – 4 anos) para as características altura (*Ht*), diâmetro a 1,30 m (*dap*), sobrevivência (*sob*) e volume (*vol*), avaliados em testes clonais, propagados via embriogênese somática, de *Pinus taeda*, localizados em quatro locais (sítio 1, sítio 2, sítio 3 e sítio 4).

Local	<i>Ht</i>		<i>dap</i>		<i>sob</i>		<i>vol</i>	
	Idades	Correlação	Idades	Correlação	Idades	Correlação	Idades	Correlação
SÍTIO1	1-3	0,59	1-3	0,55	1-3	0,41	1-3	0,55
	1-4	0,48	1-4	0,50	1-4	0,30	1-4	0,50
	3-4	0,88	3-4	0,92	3-4	0,87	3-4	0,91
SÍTIO2	1-3	0,77	1-3	0,75	1-3	0,78	1-3	0,73
	1-4	0,66	1-4	0,71	1-4	0,73	1-4	0,70
	3-4	0,92	3-4	0,97	3-4	0,95	3-4	0,96
SÍTIO3	1-3	0,87	1-3	0,83	1-3	0,90	1-3	0,87
	1-4	0,65	1-4	0,79	1-4	0,66	1-4	0,80
	3-4	0,73	3-4	0,94	3-4	0,70	3-4	0,94
SÍTIO4	1-3	0,81	1-3	0,69	1-3	0,78	1-3	0,73
	1-4	0,76	1-4	0,66	1-4	0,84	1-4	0,71
	3-4	0,96	3-4	0,97	3-4	0,94	3-4	0,97

As correlações genéticas das idades de três e quatro anos com a idade mais juvenil (um ano) foram decrescentes, sendo observadas menores correlações entre um e quatro anos em todos os locais e características avaliadas (Tabela 5). De acordo com as estimativas de acurácia, Tabela 2, a partir de três anos o caráter começa a se estabilizar geneticamente, havendo, portanto, tendência de maiores correlações genéticas em idades posteriores a três anos. Assim, existem maior precisão da seleção precoce quando são adotadas idades com altas correlações genéticas com idades maduras e certa estabilidade genética do caráter sob seleção. Em *Pinus*, tem-se observado tendência de maiores correlações entre as idades mais maduras, enquanto as correlações entre idades muito juvenis e idades maduras apresentam baixa correlação (KUMAR e LEE, 2003; LI e WU, 2005; DEAN et al., 2006; WU et al., 2007; GASPAR et al., 2008).

Conforme a Tabela 6, independentemente do sítio, para cada característica de seleção as equações utilizando LAR ou LAR² apresentaram semelhanças na predição dos valores do coeficiente linear, inclinação da reta e coeficiente de determinação para os clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática. Apesar da semelhança das equações na predição dos coeficientes apresentados, esses coeficientes, no geral, apresentaram valores superiores para a equação utilizando

LAR. Assim, para a predição da correlação entre idades de seleção e a eficiência de seleção, foi adotada esta equação.

Tabela 6 – Coeficiente linear (a), inclinação da reta (b) e coeficiente de determinação (r^2) preditos por equações lineares para estimar a correlação entre idades de seleção (juvenil-adulta) nas características altura (*Ht*), diâmetro a 1,30 m (*dap*) e volume (*vol*) obtidas de testes clonais de *Pinus taeda* propagado via embriogênese somática, localizados em quatro ambientes diferentes (sítio 1, sítio 2, sítio 3 e sítio 4).

Local	Característica	LAR			LAR ²		
		a	b	r ²	a	b	r ²
Sítio1	<i>Ht</i>	1,014	0,491	0,606	0,880	-0,299	0,594
	<i>dap</i>	1,101	0,519	0,767	0,968	-0,324	0,750
	<i>vol</i>	0,953	0,348	0,840	0,860	-0,214	0,844
Sítio2	<i>Ht</i>	0,970	0,1984	0,771	0,923	-0,127	0,840
	<i>dap</i>	1,030	0,229	0,979	0,965	-0,137	0,933
	<i>vol</i>	1,028	0,273	0,809	0,948	-0,161	0,750
Sítio3	<i>Ht</i>	0,957	0,110	0,750	0,929	-0,070	0,789
	<i>dap</i>	1,027	0,173	0,946	0,978	-0,103	0,894
	<i>vol</i>	1,019	0,153	0,921	0,977	-0,092	0,892
Sítio4	<i>Ht</i>	0,978	0,108	0,871	0,948	-0,066	0,860
	<i>dap</i>	1,021	0,166	0,797	0,973	-0,099	0,748
	<i>vol</i>	1,028	0,190	0,865	0,974	-0,114	0,819
Todos locais	<i>Ht</i>	0,968	0,158	0,508	0,928	-0,158	0,533
	<i>dap</i>	1,024	0,208	0,701	0,965	-0,125	0,666
	<i>vol</i>	1,021	0,223	0,623	0,958	-0,133	0,590

Os valores para o coeficiente linear e inclinação da reta, estimados para clones de *Pinus taeda* foram próximos aos encontrados por LAMBETH (1980) e LAMBETH e DILL (2001) em populações de *Pinus taeda* propagadas pela via seminífera. Há, portanto, semelhança nas equações de correlação juvenil-adulta de populações clonais e populações seminais.

Entre os locais estudados, a avaliação conjunta em todos os locais apresentou menores coeficientes de determinação, variando entre 50% a 70%, o que pode ser justificado pelas respostas diferenciadas aos ambientes. Maiores coeficientes de determinação foram observados para volume e *dap* em todos os locais estudados (sítio 1: *dap*= 77% e volume = 84%; sítio 2: *dap*= 98% e volume = 81%; sítio 3: *dap*= 95% e volume = 92%; sítio 4: *dap*= 80% e volume = 86%; e avaliação conjunta de todos os locais: *dap*= 70% e volume = 62%), quando se utilizou a equação com LAR (Tabela 6). São, portanto, características mais favoráveis para seleção com projeção nas idades em função dos maiores coeficientes de determinação.

Outros estudos também mostram que o modelo empregado por Lambeth (1980) é um bom preditor para as correlações genéticas entre idades juvenis e

madura (XIE e YING, 1996; GWAZE et al., 2001; LAMBETH e DILL, 2001; CHEN et al, 2003; WENG et al., 2007; WU et al., 2007).

A Tabela 7 mostra que a correlação genética para altura, *dap* e volume em diferentes idades variou conforme a idade de colheita em todos os locais e para todas as características de seleção avaliadas. Foram observadas correlações de menor magnitude quando se selecionou em idades juvenis para colheita na idade de 20 anos, chegando a apresentar correlação negativa no sítio 1 para seleção do volume nas idades de quatro e seis anos (-0,338 e -0,013, respectivamente).

As correlações em idades precoces e tardias sugerem que diferentes mecanismos fisiológicos estão envolvidos em distintos estágios de desenvolvimento, o que pode ser atribuído à expressão de genes diferentes. No entanto, a expressão desses genes vai se estabilizando ao longo dos anos, Tabela 2, o que é revelado pela alta correlação entre idades de meia rotação com idades de rotação (Tabela 7). Essa tendência foi observada também por outros autores ao estudar a seleção precoce em *Pinus* (HODGE e BRANCO, 1992; GOLDSTEIN e HOLSINGER, 1992; JANSSON et al., 1998; WENG et al., 2007).

Independentemente da idade indicada para colheita (8, 12 ou 20 anos), a correlação entre as idades foi crescente, com menores valores quando a seleção foi feita em idades juvenis. E à medida que a seleção vai sendo feita em idades mais próximas à idade de colheita, a correlação vai aumentando até ficar muito próxima ou mesmo se igualar àquela feita na idade de corte (Tabela 7). Esses resultados indicam que a seleção precoce de clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática, em relação ao *dap*, à altura e ao volume, pode ser eficiente. Resultados semelhantes foram observados por outros autores, trabalhando com a seleção precoce de *Pinus taeda* (MCKEAND, 1988; LI et al.1996; GWAZE et al., 2001; PALUDZIN FILHO et al., 2002; XIANG et al., 2003).

Tabela 7 – Correlação (cor) entre idades de seleção (juvenil-adulta) e eficiência de seleção (E) para as características altura (*Ht*), diâmetro a 1,30 m (*dap*) e volume (*vol*) obtidas de testes clonais de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática, localizados em quatro ambientes diferentes (sítio 1, sítio 2, sítio 3 e sítio 4), considerando 8, 12 e 20 anos, como idades de referência para a correlação com idades juvenis.

Característica	Idade de seleção	Sítio 1		Sítio 2		Sítio 3		Sítio 4		Todos os locais		
		cor	E	cor	E	cor	E	cor	E	cor	E	
<i>Ht</i>	4-8	0,673	0,925	0,831	1,143	0,884	1,216	0,904	1,243	0,859	1,181	
	6-8	0,872	1,163	0,912	1,216	0,928	1,237	0,948	1,264	0,924	1,232	
	4-12	0,474	0,889	0,750	1,406	0,839	1,573	0,859	1,611	0,794	1,489	
	6-12	0,673	1,010	0,831	1,247	0,884	1,326	0,904	1,356	0,859	1,289	
	8-12	0,814	1,018	0,889	1,111	0,915	1,144	0,935	1,169	0,905	1,131	
	10-12	0,924	0,990	0,934	1,001	0,940	1,007	0,960	1,029	0,941	1,008	
	4-20	0,223	0,641	0,648	1,863	0,783	2,251	0,803	2,309	0,712	2,047	
	6-20	0,422	0,971	0,729	1,677	0,828	1,904	0,848	1,950	0,777	1,787	
	8-20	0,564	1,081	0,787	1,508	0,859	1,646	0,879	1,685	0,823	1,577	
	10-20	0,673	1,106	0,831	1,365	0,884	1,452	0,904	1,485	0,859	1,411	
	12-20	0,762	1,095	0,868	1,248	0,904	1,300	0,924	1,328	0,888	1,277	
	14-20	0,838	1,071	0,899	1,149	0,921	1,177	0,941	1,202	0,913	1,167	
	16-20	0,904	1,040	0,925	1,064	0,935	1,075	0,955	1,098	0,934	1,074	
	18-20	0,962	1,006	0,949	0,992	0,948	0,991	0,968	1,012	0,953	0,996	
	<i>dap</i>	4-8	0,740	1,018	0,821	1,129	0,912	1,254	0,902	1,240	0,874	1,202
		6-8	0,951	1,268	0,914	1,219	0,981	1,308	0,971	1,295	0,960	1,280
		4-12	0,529	0,992	0,727	1,363	0,843	1,581	0,833	1,562	0,789	1,479
		6-12	0,740	1,110	0,821	1,232	0,912	1,368	0,902	1,353	0,874	1,311
8-12		0,889	1,111	0,887	1,109	0,961	1,201	0,951	1,189	0,935	1,169	
10-12		1,005	1,077	0,938	1,005	0,999	1,070	0,989	1,060	0,982	1,052	
4-20		0,263	0,756	0,610	1,754	0,756	2,174	0,746	2,145	0,682	1,961	
6-20		0,474	1,090	0,703	1,617	0,825	1,898	0,815	1,875	0,767	1,764	
8-20		0,624	1,196	0,769	1,474	0,874	1,675	0,864	1,656	0,828	1,587	
10-20		0,740	1,216	0,821	1,349	0,912	1,498	0,902	1,482	0,874	1,436	
12-20		0,834	1,199	0,862	1,239	0,943	1,356	0,933	1,341	0,913	1,312	
14-20		0,914	1,168	0,898	1,147	0,969	1,238	0,959	1,225	0,945	1,208	
16-20		0,984	1,132	0,929	1,068	0,992	1,141	0,982	1,129	0,973	1,119	
18-20		1,000	1,093	0,956	0,999	1,000	1,058	1,000	1,048	0,998	1,043	
<i>vol</i>		4-8	0,396	0,545	0,593	0,815	0,777	1,068	0,725	0,997	0,868	1,194
		6-8	0,720	0,960	0,849	1,132	0,919	1,225	0,903	1,204	0,957	1,276
		4-12	0,071	0,133	0,338	0,634	0,635	1,191	0,547	1,026	0,778	1,459
		6-12	0,396	0,594	0,593	0,890	0,777	1,166	0,725	1,088	0,868	1,302
	8-12	0,626	0,783	0,775	0,969	0,878	1,098	0,852	1,065	0,931	1,164	
	10-12	0,804	0,861	0,915	0,980	0,956	1,024	0,950	1,018	0,980	1,050	
	4-20	-0,338	-0,972	0,016	0,046	0,457	1,314	0,322	0,926	0,666	1,915	
	6-20	-0,013	-0,030	0,271	0,623	0,599	1,378	0,500	1,150	0,755	1,737	
	8-20	0,217	0,416	0,453	0,868	0,699	1,340	0,627	1,202	0,818	1,568	
	10-20	0,396	0,651	0,593	0,974	0,777	1,277	0,725	1,191	0,868	1,426	
	12-20	0,541	0,778	0,708	1,018	0,841	1,209	0,805	1,157	0,908	1,305	
	14-20	0,664	0,848	0,805	1,029	0,895	1,144	0,873	1,116	0,941	1,202	
	16-20	0,772	0,888	0,890	1,024	0,942	1,083	0,932	1,072	0,971	1,117	
	18-20	0,866	0,905	0,964	1,008	0,983	1,028	0,984	1,029	0,997	1,042	

A Tabela 7 mostra que o modelo de Lambeth pode ser utilizado na predição de correlações entre idades juvenis e adultas de clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática. É um modelo prático que capta a norma biológica da correlação entre diferentes idades, ou seja, quanto mais próximo da idade de colheita (20 anos), maior a correlação, e vice-versa (LAMBETH e DILL, 2001; GWAZE et al., 2001; CHEN et al, 2003; WENG et al., 2007; WU et al., 2007).

Exceto para o sítio 1, as idades de 4 a 6 anos foram suficientes para selecionar clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática para colheitas aos 8 e 12 anos, e de 6 a 10 anos, para selecionar clones de *Pinus taeda*

propagados via embriogênese somática para colheita aos 20 anos. Considerou-se como ponto de corte uma correlação de 0,80 (Tabela, 7). Outros estudos confirmam que a seleção precoce, nas idades juvenis de 4 a 8 anos, é confiável para características de crescimento na idade de rotação, sendo a mais indicada para a seleção precoce em *Pinus taeda* (ISIK e FRAMPTON, 2003; XIANG et al., 2003). Dean (2008) também observou que a idade de quatro anos é a mais indicada para a seleção de clones propagados via embriogênese somática de *Pseudotsuga menziesii* para colheita aos oito anos.

A eficiência da seleção precoce de clones de *Pinus taeda* variou para as características altura, *dap* e volume, nos diferentes ambientes (sítio 1, sítio 2, sítio 3 e sítio 4), considerando 8, 12 e 20 anos como idades de referência (Tabela 7). Foram observados, no geral, altos ganhos de seleção por ano ao fazer a seleção de clones de *Pinus taeda* em idades juvenis, podendo chegar a um ganho por ano de seleção de 2,2 vezes maior que a seleção feita na idade de 20 anos, quando feita aos quatro anos para o diâmetro.

Embora as magnitudes da eficiência de seleção tenham variado com a idade, o local e a característica, Tabela 7, a seleção para volume proporciona baixa eficiência em idades inferiores a 8 anos (Tabela7). Entretanto, para a altura e o *dap*, observou-se alta eficiência da seleção de clones de *Pinus taeda*, desde os 4 anos de idade (superior a 0,92) em todos os locais, considerando 8, 12 e 20 anos como idades de colheita. Essa alta eficiência de seleção mostra que é possível fazer seleção de clones de *Pinus taeda* para altura e *dap* em idades superiores a quatro anos. Estudos em coníferas têm mostrado eficiência da seleção precoce com base na correlação entre diferentes idades (LI et al., 2005; WU et al., 2007; WENG et al., 2007; DEAN, 2008).

Segundo Lambeth e Dill (2001), a eficiência de seleção, expressa como a razão entre idade de seleção precoce e ganho na idade de colheita, proporciona uma alternativa eficaz para decisões sobre a idade ideal para a seleção precoce. Os autores ressaltam que seleção precoce corresponde a uma seleção indireta, tendendo o ganho com a seleção precoce a ser menor que o ganho na idade de rotação da cultura. No entanto, caso exista correlação genética positiva entre os caracteres avaliados em idades prévias e a idade de rotação, a seleção precoce pode diminuir o tempo requerido para a avaliação e seleção, maximizando os ganhos genéticos por unidade

de tempo (ano) (RESENDE et al., 1994; LAMBETH e DILL, 2001; GONÇALVES et al., 2005; DEAN, 2008; PIRES et al., 2011).

Diante do exposto, fica evidente a importância da seleção precoce nos programas de melhoramento de espécies florestais, principalmente devido ao longo ciclo das culturas florestais, necessidade de genótipos mais produtivos, ganho com a seleção em unidade de tempo e aos custos com a manutenção de programas de melhoramento em longo prazo.

4. CONCLUSÕES

A análise de medidas repetidas não conduziu a valores superiores de acurácia em relação à análise univariada na estimação dos parâmetros genéticos de clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática.

A seleção de clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática, tendo por base o *dap*, representa o volume com uma adequada exatidão.

Diante da baixa correlação genotípica nos diferentes ambientes, faz-se necessária a seleção de clones específicos para cada ambiente.

As idades de 4 a 6 anos foram suficientes para selecionar clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática para colheita aos 8 e 12 anos, e as idades de 6 a 10 anos, para colheita aos 20 anos.

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

ALCANTARA, G. B. de; RIBAS, L. L. F.; HIGA, A. R.; RIBAS, K. C. Z. Efeitos do ácido indolbutírico (AIB) e da coleta de brotações em diferentes estações do ano no enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 36, n. 78, p. 151-156, jun. 2008.

ALCANTARA, G. B.; RIBAS, L. L. F.; HIGA, A. R.; ZUFFELLATO-RIBAS, K. C.; KOEHLER, H. S. Efeito da idade da muda e da estação do ano no enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. **Revista Árvore**. Viçosa, v. 31, n. 3, p. 399-404, 2007.

ANDREJOW, G. M. P.; HIGA, A. R. Potencial de enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. provenientes de brotação apical de mudas jovens. **FLORESTA**, Curitiba, PR, v. 39, n. 4, p. 897-903, 2009.

BENOWICZ, A.; GROSSNICKLE, S. C.; EL-KASSABY, Y. A. Field assessment of Douglasfir somatic and zygotic seedlings with respect to gas exchange, water relations, and frost hardiness. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 32, p. 1822–1828, 2002.

- CHEN, X.; HAWKINS, B.; XIE, C. Y.; YING, C. C. Age trends in genetic parameters and early selection of lodgepole pine provenances with particular reference to the Lambeth model. **Forest genetics**, v. 10, n. 3, p. 249-258, 2003.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 1, 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.
- CYR, D. R., KLIMASZEWSKA, K. Conifer somatic embryogenesis: II. Applications. **Dendrobiology**, v. 48, p. 41–49, 2002.
- DEAN, C. A. Genetic Parameters of Somatic Clones of Coastal Douglas-fir at 5 1/2-Years across Washington and Oregon, USA. **Silvae Genetica**, v. 57, p. 269-275, 2008.
- DEAN, C. A.; COTTERILL, P. P.; BURDON, R. D. Early Selection of *Radiata pine*. **Silvae Genetica**, v. 55, p. 182-191, 2006.
- FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. New York: Longman, 336p. 1981.
- GASPAR, M. J.; LOUZADA, J. L.; SILVA, M. E.; AGUIAR, A.; ALMEIDA, M. H. Age trends in genetic parameters of wood density components in 46 half-sibling families of *Pinus pinaster*. **Canada Journal Forest Research**, v. 38, p. 1470-1477, 2008.
- GOLDSTEIN, D. B.; HOLSINGER, K. E.: Maintenance of polygenic variation in spatially structured populations: roles for local mating and genetic redundancy. **Evolution**, v. 46, p. 412–429, 1992.
- GONÇALVES, P. de S.; BORTOLETTO, N.; CARDINAL, A. B.; GOUVÊA, L. R. L.; COSTA, R. B. da; MORAES, M. L. T. de. Age-age correlation for early selection of rubber tree genotypes in São Paulo State, Brazil. **Genetics and Molecular Biology**, v. 28, n. 4, p. 758-764, 2005.
- GROSSNICKLE, S. C.; FOLK, R. Stock quality assessment of a somatic interior spruce seedlot. **Northern Journal of Applied Forestry**, v. 22, p. 197–202, 2005.
- GWAZE, D. P.; BRIDGWATER, F. E.; BYRAM, T. D.; LOWE, W. J. Genetic parameter estimates for growth and wood density in loblolly pine (*Pinus taeda* L.). **Forest Genetics**, v. 8, n. 1, p. 47-55, 2001.
- HODGE, G. R.; WHITE, T. L.: Genetic parameter estimates for growth traits at different ages in slash pine and some implications for breeding. **Silvae Genetica**, v. 41, p. 252–262, 1992.
- ISIK, F.; GOLDFARB, B.; LEBUDE, A.; LI, B.; MCKEAND, S. Predicted genetic gains and testing efficiency from two loblolly pine clonal trials. **Canada Journal Forest Research**, v. 35, p. 1754-1766, 2005.
- ISIK, F.; LI, B.; FRAMPTON, J. Estimates of additive, dominance and epistatic genetic variances from a clonally replicated test of loblolly pine. **Forest Science**, v. 49, n. 1, p. 77-88, 2003.

JANSSON, G.; JONSSON, A.; ERIKSSON, G. Efficiency of Early Testing in *Pinus sylvestris* L. Grown Under Two Different Spacings in Growth Chamber. **Silvae Genetica**, v. 47, p. 289-306, 2003.

KANG, H. Components of juvenile-mature correlations in forest trees. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 81, p.173-184, 1991.

KLABIN. **Plano de manejo florestal 2011**: resumo público Telêmaco Borba – PR. Telêmaco Borba:Klabin, 2011. 24 p.

KLABIN. **Plano de manejo florestal**: resumo público Santa Catarina. Otacílio Costa: Klabin, 2009. 12 p.

KUMAR, S.; LEE, J. Age-age correlations and early selection for end-of-rotation wood density in *Radiata pine*. **Forest Genetics**, v. 9, n. 4, p. 323-330, 2003.

LAMBETH, C. C. Juvenile-mature correlations in Pinaceae and implications for early selection. **Forest Science**, v. 26, p. 571–580, 1980.

LAMBETH, C.; DILL, L. A. Prediction models for juvenile-mature correlations for loblolly pine growth traits within, between and across test sites. **Forest genetics**, v. 8, n.2, p. 101-108, 2001.

LI, L.; WU, H. X. Efficiency of early selection for rotation-aged growth and wood density traits in *Pinus radiata*. **Canada Journal Forest Research**, v. 35, p. 1-11, 2005.

MACKAY, J. J.; BECWAR, M R.; PARK, Y. S.; CORDERRO, J. P.; PULLMAN, G. S. Genetic control of somatic embryogenesis initiation in loblolly pine and implications for breeding. **Tree Genetics and Genomes**, v. 2, n. 1, p. 1-9, 2006.

MAGNUSSEN, S. Age-to-age correlations in growth processes with fixed and random effects. **Silvae Genetica**, v. 38, n. 2, p. 49-55, 1989.

MAGNUSSEN. S.; YANCHUKA, D. Selection age and risk: Finding the compromise. **Silvae Genetica**, v. 42, n. 1, p. 25-40, 1993.

MALABADI, R. B.; NATARAJA, K.; KUMAR, S. V.; MULGUND, G. S. Journey of a single cell to a plantlet *via in vitro* cloning mature trees of conifers. **Research in Biotechnology**, v. 2, n. 6, p. 01-07, 2011.

MARTINEZ, D. T.; RESENDE, M. D. V. de; COSTA, R. B. da; HIGA, A. R.; SANTOS, G. A. dos; FIER, I. S. N. Estudo da interação genótipo x ambiente em progênies de *Pinus taeda* por meio da análise de parâmetros genéticos. **Floresta**, Curitiba, PR, v. 42, n. 3, p. 539 - 552, 2012.

MATHESON, A. C.; SPENCER, D. J.; MAGNUSSEN, D. Optimum age for selection in *Pinus radiata* basal area under bark for age:age correlations. **Silvae Genetica**, v. 43, p. 352–357, 1994.

MCKEAND, S. E. Optimum age for family selection for growth in genetics tests of loblolly pine. **Forest Science**, v. 34, p. 400–411, 1988.

O'NEILL, G. A.; RUSSELL, J. H.; HOOGE, B. D.; OTT, P. K.; HAWKINS, C. B. D. Estimating gains from genetic tests of somatic emblings of interior spruce. **Forest Genetics**, v. 12, n. 1, p. 57-66, 2005.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; FERNANDES, J. S. C.; RESENDE, M. D. V. Avaliação e seleção precoce para crescimento de *Pinus taeda*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 12, p. 1719 - 1726, 2002.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; MORA, A. L.; MAESTRI, R. Interação de genótipos de *Pinus taeda* L. com locais no sul-sudeste do Brasil. **Revista Cerne**, v. 7, n. 1, p. 90 - 100, 2001.

PIRES, E. L.; RESENDE, M. D. V. de; SILVA, R. S. da; RESENDE, M. F. R. de Jr. **Genética florestal**. Viçosa: Arka, 2011, p. 318.

PULLMAN, G. S.; BUCALO, K. Pine somatic embryogenesis using zygotic embryos as explants. **Methods in Molecular Biology**, v. 710, p. 267-291, 2011.

PULLMAN, G. S.; CHOPRA, R.; CHASE, K. M. Loblolly pine (*Pinus taeda* L.) somatic embryogenesis: improvements in embryogenic tissue initiation by supplementation of medium with organic acids, vitamins B₁₂ and E. **Plant Science**, v. 170, p. 648-658, 2006.

PULLMAN, G. S.; JOHNSON, S.; PETER, G.; CAIRNEY, J.; XU, N. Improving loblolly pine somatic embryo maturation: comparison of somatic and zygotic embryo morphology, germination, and gene expression. **Plant Cell Reports**, v. 21, p. 747-758, 2003.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V. de. Delineamento de experimentos de seleção para a maximização da acurácia seletiva e progresso genético. **Revista Árvore**, v. 19, n. 4, p. 479-500, 1995.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Selegem – Reml/Blup: Sistema estatístico e Seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa florestas, 361p., 2007.

REZENDE, G. D. S. P.; BERTOLUCCI, F. L. G.; RAMALHO, M. A. P.; Eficiência da seleção precoce na recomendação de clones de eucalipto avaliados no norte do Espírito Santo e Sul da Bahia. **Cerne**, v. 1, n. 1, p. 45-50, 1994.

ROTH, B. E.; JOKELA, E. J.; MARTIN, T. A.; HUBER, D. A.; WHITE, T. L. Genotype _ environment interactions in selected loblolly and slash pine plantations in the Southeastern United States. **Forest Ecology and Management**, v. 238, p. 175-188, 2007.

WAHID, N.; RAINVILLE, A.; LAMHAMEDI, M. S.; MARGOLIS, H. A.; BEAULIEU, J.; DEBLOIS, J. Genetic parameters and performance stability of white spruce somatic seedlings in clonal tests. **Forest Ecology and Management**, v. 27, p.45–53, 2012.

WALTER, M. A. L.; THOMPSON, D.; HARVENGT, L.; SANCHEZ, L.; TORIBIO, M.; PÂQUES, L. E. Somatic embryogenesis in forestry with a focus on Europe: state-of-the-art, benefits, challenges and future direction. **Tree Genetics & Genomes**, v. 9, n. 4, p. 883-899, 2013.

WENG, Y. H.; TOSH, K. J.; PARK, Y. S.; FULLARTON, M. S. Age-related Trends in Genetic Parameters for Jack Pine and Their Implications for Early Selection. **Silvae Genetica**, v. 56, n. 5, p. 242-252, 2007.

WISE, F.; CALDWELL, T. Macropropagation of conifers by stem cuttings. In: Proceedings of the Southern regional information Exchange Group Biennial Symposium on Forest Genetics: Applications of Vegetative Propagation in Forestry. **Huntsville**, p. 51-73, 1994.

WU, H. X. Study of early selection in tree breeding: 1. Advantage of early selection through increasing selection intensity and reduction of field test size. **Silvae Genetica**, v. 47, n. 2, p. 146–155, 1998.

WU, H. X.; POWEL, M. B.; YANG, J. L.; IVKOVIC, M.; MCRAE, T. A. Efficiency of early selection for rotation-aged wood quality traits in Radiata pine. **Forest Science**. v. 64, p. 1-9, 2007.

XIANG, B.; LI, B.; ISIK, F. Time Trend of Genetic Parameters in Growth Traits of *Pinus taeda* L. **Silvae Genetica**, V. 52, p. 114-121, 2003.

Parâmetros genéticos para a capacidade de propagação de *Pinus taeda* por embriogênese somática

RESUMO – Este trabalho teve como objetivo avaliar a capacidade de propagação de famílias de *Pinus taeda* por embriogênese somática, utilizando estimativas de parâmetros genéticos. Para a embriogênese somática, foram selecionados cones imaturos de 65 famílias elite de *Pinus taeda*. O germoplasma utilizado para a implantação dos testes de campo foi composto por 238 clones de 31 famílias, propagadas via embriogênese somática. O estudo foi realizado por meio de análise genético-estatística pelo procedimento de estimação de componentes de variância via máxima verossimilhança residual (Reml) e de predição de valores genéticos via melhor predição linear não viesada (Blup), usando o software Selegen-Reml/Blup. De acordo com os resultados, há variabilidade genética e possibilidade de ganhos genéticos altos pela seleção entre famílias, para os caracteres presença de embriões somáticos e número de clones por famílias de *Pinus taeda* destinadas à embriogênese somática. Há baixa ou nenhuma correlação genética entre o número de clones propagados via embriogênese somática e as características altura, diâmetro (*dap*), sobrevivência e volume avaliados aos quatro anos de idade em testes clonais. Conclui-se que há maior ganho genético para a capacidade de propagação por embriogênese somática com a seleção de famílias de *Pinus taeda*.

Palavras-chave – Micropropagação, ganho genético e propagação clonal.

1. INTRODUÇÃO

As técnicas de propagação vegetativa via estaquia e miniestaquia, tradicionalmente utilizadas pelas empresas florestais na clonagem de *Eucalyptus* têm baixa aplicabilidade para *Pinus*, decorrente das limitações impostas pela idade da planta matriz (ALCANTARA et al., 2007; 2008; ANDREJOW e HIGA, 2009; MALABADI et al., 2011; WAHID et al., 2012), inviabilizando a utilização de clones em escala comercial (PULLMAN et al., 2003; PULLMAN et al., 2011). Como alternativa, a embriogênese somática, a partir de sementes imaturas, tem sido desenvolvida e utilizada na clonagem de *Pinus taeda* (PULLMAN et al., 2006; ALCANTARA et al., 2008; ANDREJOW et al., 2009; PULLMAN e BUCALO, 2011).

Em comparação com outros sistemas de propagação utilizados para espécies florestais, tais como estaquia e miniestaquia, a embriogênese somática oferece as vantagens de armazenamento a longo prazo de tecido embrionário, pelo uso da criopreservação, sem perda da juvenildade ou interferência na propagação dos genótipos (CYR et al., 1994; PARK et al., 1998; BENOWICZ et al., 2002; SUTTON, 2002; GROSSNICKLE e FOLK, 2005; MALABADI et al., 2011), além da perspectiva de manipulação automática de embriões somáticos (DEAN, 2008).

A embriogênese somática é uma técnica promissora para a implementação da silvicultura clonal de *Pinus taeda*. No entanto, alguns fatores têm limitado a comercialização de embriões somáticos dessa espécie, incluindo a frequência de iniciação de culturas embriogênicas, que é altamente variável entre as famílias; a recalitrância de alguns genótipos; a baixa sobrevivência da cultura, resultando em pouca ou nenhuma produção de embriões; e a incapacidade de os embriões somáticos atingirem a plena maturidade, resultando em baixa germinação e reduzido vigor das plântulas (PULLMAN et al., 2003). Entretanto, os protocolos visando à indução da embriogênese somática com máxima produção de plantas, reduzidos custo e trabalho, estão constantemente sendo revistos e melhorados (WALTER et al., 2006; PULLMAN et al., 2011).

A integração da embriogênese somática em programas convencionais de melhoramento genético permite a propagação de indivíduos com alto valor genético

(PARK et al., 1998; O'NEILL et al., 2005; DEAN, 2008). A embriogênese somática, aliada à criopreservação, tem permitido o armazenamento de linhas clonais embriogênicas, enquanto as árvores correspondentes são testadas no campo. Esta tecnologia tem permitido o desenvolvimento de clones por meio do resgate dos embriões somáticos criopreservados que mostraram superioridade genética nos testes clonais de campo (PARK, 2002; MACKAY et al., 2006).

A embriogênese somática de algumas espécies de *Pinus* de importância econômica chegou ao estágio de aplicação na propagação vegetativa destinada a testes clonais e seleção de genótipos superiores (WALTER et al., 2006). Testes clonais bem estabelecidos e projetados são fundamentais para o sucesso de qualquer programa de melhoramento genético usando clones propagados via embriogênese somática, permitindo estimativa precisa de parâmetros genéticos como herdabilidade, variações genéticas e correlações, assim, aumentando a confiabilidade com que o desempenho clonal pode ser previsto (DEAN, 2008; WAHID et al., 2012). Entretanto, poucos estudos têm sido realizados para estimar parâmetros genéticos de clones propagados via embriogênese somática em ensaios de campo (O'NEILL et al., 2005; DEAN, 2008; BALTUNIS et al., 2009; WAHID et al., 2012).

Diante do exposto, objetivou-se com este trabalho avaliar o controle genético e a capacidade de propagação de famílias de *Pinus taeda* por embriogênese somática, utilizando estimativas de parâmetros genéticos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Área experimental e germoplasma utilizado

O estudo foi realizado por meio de análise genético-estatística da capacidade de produção de embriões somáticos originados de 65 famílias de *Pinus taeda*, da Klabin S.A. Foram propagados via embriogênese somática 238 clones originados de 31 famílias (Tabela 1).

Tabela 1 – Relação das famílias de *Pinus taeda* que apresentaram clones propagados via embriogênese somática, com o tipo de polinização (controlada ou livre) e o número de clones, que foi possível propagar por meio da embriogênese somática.

Famílias	Número de clones	Polinização
1	15	Controlada
2	10	Controlada
3	7	Controlada
4	11	Controlada
5	1	Controlada
6	14	Controlada
7	4	Controlada
8	21	Controlada
9	2	Controlada
10	1	Controlada
11	33	Controlada
12	12	Controlada
13	10	Controlada
14	1	Controlada
15	1	Controlada
16	1	Controlada
17	8	Controlada
18	1	Controlada
19	2	Controlada
20	3	Livre
21	5	Livre
22	5	Livre
23	4	Livre
24	17	Controlada
25	35	Livre
26	2	Livre
27	1	Livre
28	1	Livre
29	1	Livre
30	1	Livre
31	8	Controlada

Famílias enviadas para embriogênese somática: 65
Famílias com clones propagados via embriogênese somática: 31
Número total de clones: 238

A princípio, 65 famílias elite da Klabin em testes de primeira (famílias de polinização livre) e segunda fase (famílias de polinização controlada) foram selecionadas e seus cones imaturos coletados e transferidos para propagação via embriogênese somática. Por meio dos embriões zigóticos imaturos, foram obtidos embriões somáticos individualizados por planta, em 31 das 65 famílias enviadas para a embriogênese somática. O número de clones propagados em cada família foi obtido pela observação do número de clones disponíveis para os testes de campo.

Os testes clonais foram implantados nos estados do Paraná e Santa Catarina, em 2007. O delineamento experimental foi o de blocos incompletos, com espaçamento de 3 m x 2 m, com uma planta por parcela, em quatro locais (sítios),

dois em Santa Catarina e dois no Paraná. Cada sítio foi dividido em dois experimentos, mesmo estando em um mesmo ambiente, em função do grande número de clones e da área ocupada pelos blocos. O número de blocos e os clones avaliados variaram de acordo com o experimento (Tabela 2). Como testemunha comparativa, foram utilizados três lotes de mudas comerciais.

Tabela 2 – Descrição dos testes clonais instalados com clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática.

Estado	Local	Experimentos	Clones	Nº blocos	Plantas/parcela
SC	Sítio1	1	1-35 36-147	12 6	1
		2	164-178 179-215	12 6	1
	Sítio2	1	1-94	6	1
		2	164-193	6	1
PR	Sítio3	1	1-54 55-160	12 6	1
		2	164-196	6	1
	Sítio4	1	1-110	6	1
		2	164-179 164-238	12 6	1
Total geral de clones diferentes					238
Clones comuns nos quatro ambientes					126

Segundo a classificação climática de Köppen, a região do Estado de Santa Catarina onde estão localizados os sítios 1 e 2 caracteriza-se como Cfb (KLABIN, 2009), e a área do Estado do Paraná onde estão alocados os sítios 3 e 4 encontra-se em uma região de transição climática entre Cfa e Cfb (KLABIN, 2011). Os sítios 1 e 2 apresentam temperaturas médias inferiores e um maior número de geadas do que os sítios 3 e 4. Com relação à classificação do solo, o sítio 1 é classificado como cambissolo húmico, alumínico, léptico, textura argilosa, relevo suave ondulado e ondulado; o sítio 2 é classificado como latossolo bruno, alumínico, textura argilosa, relevo suave ondulado e ondulado; o sítio 3 é classificado como cambissolo háplico, textura média, relevo ondulado e forte ondulado; e o sítio 4, como neossolo quartzarênico, textura arenosa e média leve, relevo suave ondulado e forte ondulado.

2.2. Coleta de dados

Foram feitas medições dos caracteres diâmetro – *dap* (em cm, medido a 1,30 m de altura do solo), altura total – *Ht* (em m), volume – *Vol* (em m³) e sobrevivência nas idades de 1, 3 e 4 anos dos clones de *Pinus taeda*.

O *dap* foi mensurado com uma fita diamétrica, e a altura foi obtida com o uso do relascópio. Para o cálculo do volume, foi utilizada a fórmula

$$Vol = (3,1416 \cdot dap^2 / 4) \cdot Ht \cdot 0,5,$$

em que *dap*: diâmetro a 1,3 metros de altura; e *Ht*: altura total.

A sobrevivência foi avaliada pela contagem do número de árvores vivas por clone no experimento, no momento das medições de *dap* e *Ht* (1, 3 e 4 anos de idade).

Os dados para as estimativas de parâmetros genotípicos nas características relativas à capacidade de propagação por embriogênese somática (família com embriões somáticos e número de clones em cada família) foram tomados em relação à família com o maior número de clones via embriogênese somática (família 25 com 35 clones).

2.3. Estimativas de parâmetros genéticos e estatísticos

As análises foram realizadas pelo procedimento de estimação de componentes de variância (Reml) e de predição de valores genéticos (Blup), usando o software Selegen-Reml/Blup (RESENDE, 2002).

As estimativas de parâmetros genotípicos relativas à capacidade de propagação por embriogênese somática (família com embriões somáticos e número de clones em cada família) foram obtidas utilizando o seguinte modelo:

$$y = X_m + Zg + e,$$

em que **y** = vetor de dados; **m** = escalar referente à média geral; **g** = vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios) de famílias; e **e** = vetor dos erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para a obtenção dos valores genotípicos para as características de crescimento dos testes implantados em campo, foram realizadas análises individuais por local e análise conjunta entre os locais. Na avaliação dos indivíduos reunidos em cada local, o seguinte modelo linear misto, implementado no software Selegen-Reml/Blup (RESENDE, 2002), foi utilizado:

$$y = X_r + Zg + Wb + e,$$

em que **y** = vetor de dados; **r** = vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; **g** = vetor dos efeitos genotípicos de clones (assumidos como aleatórios); **b** = vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios); e **e** é o valor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As estimativas dos parâmetros, na análise conjunta de locais, foram realizadas utilizando o modelo linear misto, que inclui o efeito de interação genótipos x ambientes, o que resultou nos componentes de variância e predição dos valores genéticos, incluindo todos os locais. O modelo estatístico para análise nos vários ambientes, considerando a tomada de uma observação por parcela, é dado por:

$$y = Xr + Zg + Wb + Ti + e,$$

em que y = vetor de dados; r = vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; g = vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios) de clones; i = vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios); b = vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios); e e = valor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Com os valores genéticos preditos, foram obtidas as correlações genéticas entre os caracteres avaliados e a classificação das famílias, em função da média dos valores genotípicos preditos, para os clones nas diferentes características.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Considerando as características presença de embriões somáticos nas famílias e número de clones produzidos para as famílias destinadas ao processo de embriogênese somática, a herdabilidade individual, no sentido amplo entre famílias, foi de magnitude moderada e significativa para as duas características: de 0,44 para presença de embriões somáticos e de 0,36 para número de clones somáticos (Tabela 3). A herdabilidade para média de famílias foi de elevada magnitude, tanto para a presença de embriões somáticos (95%), como para número de clones (92%), seguindo a classificação de Resende (2002).

Tabela 3 – Estimativas de parâmetros genotípicos para as características famílias com embriões somáticos e número de clones em função das famílias de *Pinus taeda* propagadas via embriogênese somática.

Parâmetros	Famílias com embriões somáticos	Número de clones
h^2_g	0,439* (+- 0,039)	0,357* (+- 0,051)
h^2_{mc}	0,950	0,920
ASC	0,975	0,959
CVgi%	197,712	113,446
CVe%	223,705	152,167
Média geral	0,101	0,219

h^2_g : Coeficiente de herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias; h^2_{mc} : herdabilidade da média de família; ASC: Acurácia na seleção de clones; Média geral: Média geral dos caracteres; CVgi (%): Coeficiente de variação genotípica; e CVe (%): Coeficiente de variação experimental.* Significativo, pelo teste da razão de verossimilhança a 5% significância.

Essas estimativas de herdabilidade conduzem a expressivas acurácias seletivas na seleção entre famílias para os caracteres estudados. Segundo a classificação de Resende e Duarte (2007), as acurácias seletivas encontradas foram de alta magnitude: de 97% para presença de embriões somáticos e de 96% para número de clones propagados via embriogênese somática (Tabela 3). Os valores de acurácia apresentados mostram boa qualidade experimental e confiabilidade na seleção para os caracteres presença de embriões somáticos e número de clones somáticos por família.

Foram verificados altos valores do coeficiente de variação genotípica (CV_{gi}) para presença de embriões somáticos e número de clones propagados via embriogênese somática, acima de 100% (Tabela 3). Isso mostra que a seleção é viável, pois há alta variação genotípica entre as famílias estudadas, considerando os caracteres presença de embriões somáticos e número de clones propagados via embriogênese somática. Segundo Resende (2002), coeficiente de variação genotípica acima de 10% é suficiente para se praticar efetiva seleção, portanto, é possível a obtenção de ganhos genéticos significativos, tendo por base este estudo.

Os resultados apresentados para a herdabilidade, acurácia e coeficiente de variação genotípica indicam que há possibilidade de ganhos genéticos altos, para os caracteres presença de embriões somáticos e número de clones propagados via embriogênese somática, com a seleção de famílias destinadas à embriogênese somática. Segundo alguns estudos, a fase de indução da embriogênese somática é a que apresenta maior possibilidade de ganho genético com a seleção (PARK et al., 1998; PULLMAN et al., 2003; MACKAY et al., 2006; WALTER et al., 2006).

De acordo com Mackay et al. (2006), a iniciação de culturas embriogênicas de *Pinus taeda* está sob forte controle genético, corroborando os resultados deste trabalho. Segundo os autores, o controle genético diminuiu nas demais fases de produção do embrião somático. Assim, há maior ganho genético para capacidade de propagação por embriogênese somática com a seleção de famílias de *Pinus taeda* com maior predisposição à iniciação de culturas embriogênicas.

Normalmente, a embriogênese somática em coníferas utiliza como explante megagametófitos contendo embriões zigóticos imaturos e ocorre por meio de quatro etapas: iniciação, multiplicação, maturação e germinação (PULLMAN et al., 2003). No entanto, a iniciação de culturas embriogênicas é conhecida por estar sob forte controle genético (PARK et al., 1998; LELU et al., 1999; KLIMASZEWSKA et al.,

2001; PULLMAN et al., 2003; MIGUEL et al., 2004; NISKANEN et al., 2004; MACKAY et al., 2006; WALTER et al., 2006). Observa-se forte efeito materno na extrusão do megagametófito e, após a extrusão, efeito genético aditivo (PULLMAN et al., 2003; MACKAY et al., 2006; WALTER et al., 2006). Portanto, a seleção de famílias de *Pinus taeda* para a propagação via embriogênese somática permite maior iniciação das culturas embriogênicas, o que pode se refletir em maior número de famílias propagadas via embriogênese somática e maior número de clones propagados dentro de cada família.

O efeito materno em culturas embriogênicas de *Pinus* está ligado à presença de um megagametófito haploide durante a iniciação da cultura, exclusivamente herdado da planta matriz. Tanto os efeitos genéticos maternos, quanto os efeitos genéticos aditivos apresentam diferenças significativas em nível de famílias. Isso indica que a seleção de famílias pode aumentar a eficiência do processo de embriogênese somática (KLIMASZEWSKA et al., 2001; WALTER et al., 2006), corroborando os resultados apresentados neste trabalho.

Os cruzamentos entre os genitores podem ser realizados de maneira a aumentar a capacidade de propagação via embriogênese somática e, como consequência, aumentar o número de famílias propagadas e o número de clones nas famílias. Os cruzamentos entre os progenitores podem ser direcionados, selecionando-se a matriz mais favorável para melhorar a frequência de iniciação das culturas embriogênicas (PULLMAN et al., 2003; MACKAY et al., 2006). Segundo Mackay et al. (2006), a taxa de iniciação de culturas embriogênicas de *Pinus taeda* foi melhorada de 1,5 a 9,2 vezes, alternando a mãe e o pólen do progenitor nos cruzamentos. Assim, a taxa de propagação de clones via embriogênese somática nas famílias de *Pinus taeda* pode ser melhorada com a seleção de genitores com boa capacidade de iniciação em culturas embriogênicas.

Os coeficientes de variação experimental variaram de 152% a 223%, podendo ser considerados muito altos (CAGNELUTTI e STORCK, 2007), apesar disso, foram obtidas acurácias altas para todos os caracteres avaliados. Resende e Duarte (2007) relatam a possibilidade de obtenção de altas acurácias, mesmo com altos coeficientes de variação experimental, desde que os coeficientes de variação genotípica sejam também altos, caso deste trabalho.

A média geral para a presença de embriões somáticos foi de 0,1, considerando 35 sementes em cada uma das 65 famílias, ou seja, apenas 10% das

sementes apresentaram formação de embriões somáticos. Entre as sementes das 31 famílias que formaram embriões somáticos, a média foi de 0,22 ou 22% (Tabela 3). Esses resultados mostram a heterogeneidade no processo de formação de embriões somáticos nas diferentes famílias de *Pinus taeda*, indicando que a técnica de embriogênese somática não está plenamente dominada para a espécie.

Segundo Pullman et al. (2003), vários fatores podem estar relacionados à baixa produção de embriões somáticos em *Pinus taeda*, incluindo baixas taxas de iniciação (muitos genótipos desejáveis são recalcitrantes), baixa taxa de sobrevivência da cultura, baixa ou nenhuma produção de embriões e incapacidade de os embriões somáticos chegarem à plena maturidade, resultando em baixa germinação e reduzido vigor das plântulas somáticas. Em várias espécies de pinheiros, os embriões somáticos apresentam morfologia anormal e, quando eles se assemelham aos embriões zigóticos, aparecem em um número muito baixo (PULLMAN et al., 2003; CHOUDHURY et al., 2008; CARNEROS et al., 2009; CHAVEZ et al., 2011). Esses fatores têm, como consequência, o número reduzido de genótipos utilizados nos testes clonais e heterogeneidade no processo de formação de embriões somáticos nas diferentes famílias de *Pinus taeda*.

Outro fator que influencia a taxa de embriogênese somática nas famílias de *Pinus taeda* são os meios de cultura. Segundo Pullman et al., (2003), não existe, ainda, um meio de cultura capaz de propagar todas as famílias. De acordo com Walter et al. (2006), as 18 famílias de *Pinus pinaster* utilizadas para a produção de clones via embriogênese somática apresentaram diferentes números de embriões somáticos maduros, quando submetidos ao mesmo meio de cultura. Conforme os autores, o potencial embriogênico varia com o cruzamento entre famílias específicas.

A Tabela 4 mostra baixa ou nenhuma correlação genética entre o número de clones propagados via embriogênese somática e as características altura, diâmetro, sobrevivência e volume avaliados aos quatro anos de idade. Isso mostra que a seleção, embasada no número de clones propagados via embriogênese somática, não representa a seleção para altura, diâmetro, sobrevivência e volume dos clones aos quatro anos após o plantio (Tabela 4). Em abeto-da-noruega também não foi observada correlação genética entre número de embriões somáticos e características de crescimento aos sete anos após o plantio, em testes clonais, conforme estudos de Hogberg et al. (2001) e O'Neill et al. (2005).

Tabela 4 – Correlação genotípica entre o número de clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática (Nº de clones propagados via ES) e a média do valor genotípico para altura, diâmetro (*dap*), sobrevivência e volume, em função das famílias que produziram embriões somáticos aos quatro anos de idade.

Característica	Altura	<i>dap</i>	Sobrevivência	Volume
Nº de clones propagados via ES	0,1309	0,0196	-0,0047	0,1426

A Tabela 5 mostra que as famílias que apresentaram maior número de clones propagados via embriogênese somática não foram as mesmas que apresentaram os maiores valores genotípicos médios para altura, diâmetro, sobrevivência e volume aos quatro anos de idade. Isso já era esperado em função da baixa correlação genética entre o número de clones propagados via embriogênese somática e as características estudadas (Tabela 4).

Com relação à classificação das famílias em função do número de clones propagados via embriogênese somática, observou-se que a formação de embriões somáticos com competência para a produção de mudas ocorreu de forma heterogênea entre as famílias (Tabela 5). Foi possível identificar famílias com grande número de clones, a exemplo da família 25, com 35 clones propagados via embriogênese somática; família 11, com 33 clones propagados via embriogênese somática; família 8, com 21 clones propagados via embriogênese somática; bem como famílias que apresentaram poucos clones propagados via embriogênese somática, a exemplo das famílias 5, 10, 14, 15, 16, 18, 27, 28, 29 e 30 com apenas 1 clone cada.

A baixa taxa de produção de clones em algumas famílias pode estar relacionada à recalcitrância dos genótipos à propagação via embriogênese somática. A recalcitrância de genótipos pode restringir os clones ou famílias que podem ser propagadas como embriões somáticos (BECWAR 1990; PARK et al., 1998). Pode, assim, ocorrer seleção indireta desfavorável para crescimento ou características adaptativas, em decorrência da propagação de genótipos específicos (mais propícios a embriogênese), resultando na perda de famílias ou clones no processo de seleção (PARK et al., 1998; PULLMAN et al., 2003; MACKAY et al., 2006; WALTER et al., 2006).

Tabela 5 – Classificação das famílias de *Pinus taeda* em função do número de clones propagados via embriogênese somática e da média do valor genotípico dos clones em cada família, considerando a avaliação conjunta em todos os ambientes para as características altura (*Ht*), diâmetro (*dap*), sobrevivência (*sob*) e volume (*vol*), aos quatro anos de idade.

Ordem	Família	Nº de clone	Valor genotípico médio para as diferentes famílias em cada característica de avaliação							
			FAMÍLIA	<i>Ht</i>	FAMÍLIA	<i>dap</i>	FAMÍLIA	<i>SOB</i>	FAMÍLIA	<i>VOL</i>
1	25	35	27	6,506	5	10,732	5	0,952	26	0,062
2	11	33	16	6,310	26	10,515	10	0,952	5	0,062
3	8	21	5	6,295	11	10,513	9	0,949	7	0,060
4	24	17	20	6,286	7	10,493	15	0,946	11	0,060
5	1	15	3	6,259	20	10,403	22	0,944	20	0,059
6	6	14	18	6,251	31	10,358	12	0,944	3	0,059
7	12	12	11	6,238	3	10,353	31	0,944	16	0,058
8	4	11	1	6,218	16	10,266	26	0,943	31	0,057
9	2	10	31	6,216	18	10,238	16	0,942	1	0,057
10	13	10	26	6,204	1	10,216	20	0,941	25	0,056
11	17	8	23	6,203	25	10,167	11	0,941	18	0,056
12	31	8	6	6,175	27	10,147	6	0,940	27	0,055
13	3	7	9	6,175	6	10,075	30	0,939	13	0,054
14	21	5	15	6,174	9	10,071	13	0,939	15	0,054
15	22	5	7	6,157	13	10,069	7	0,938	6	0,054
16	7	4	25	6,135	15	10,069	1	0,938	9	0,054
17	23	4	13	6,130	10	9,974	17	0,937	8	0,052
18	20	3	21	6,120	14	9,940	27	0,937	14	0,052
19	9	2	17	6,099	8	9,918	4	0,936	10	0,052
20	19	2	14	6,080	30	9,810	21	0,936	30	0,050
21	26	2	8	6,063	12	9,764	18	0,936	17	0,050
22	5	1	4	6,061	4	9,716	25	0,935	4	0,050
23	10	1	2	6,049	17	9,713	24	0,935	12	0,049
24	14	1	30	6,022	22	9,657	3	0,934	22	0,048
25	15	1	12	6,013	2	9,594	2	0,934	2	0,048
26	16	1	22	5,988	28	9,538	8	0,933	23	0,048
27	18	1	29	5,958	24	9,292	23	0,933	28	0,046
28	27	1	10	5,926	23	9,284	28	0,928	21	0,045
29	28	1	24	5,813	29	9,249	14	0,928	24	0,045
30	29	1	28	5,697	21	9,225	19	0,926	29	0,043
31	30	1	19	5,638	19	8,171	29	0,911	19	0,038

A Tabela 6 mostra que poucas famílias apresentaram clones entre os 20 melhores nos locais estudados. Das 31 famílias com clones propagados via embriogênese somática, apenas 14 não apresentam clones entre os 20 melhores. Somente as famílias 1, 8, 13 e 25 puderam ser representadas em todos os sítios, o que pode estar relacionado ao número de clones propagados via embriogênese somática nessas famílias (Tabela 5).

A família 25 foi a que apresentou o maior número de clones entre os 20 melhores, em todos os locais estudados, o que pode ser reflexo do maior número de clones dessa família propagados via embriogênese somática (Tabelas 5 e 6). Entretanto, observa-se na Tabela 5, que, em média, o valor genotípico dessa família para o volume ficou na décima posição, corroborando os resultados da Tabela 4, ou seja, nem sempre a família com maior número de clones propagados via

embriogênese somática é a que apresenta os melhores genótipos para características de crescimento e vice-versa.

Tabela 6 – Porcentagem das famílias de *Pinus taeda* propagadas por embriogênese somática, em função do número de clones presentes entre os 20 melhores em testes clonais localizados em quatro locais (sítio 1, sítio 2, sítio 3 e sítio 4), aos quatro anos após o plantio.

Família	Nº de clones	Sítio 1	Sítio 2	Sítio 3	Sítio 4
1	15	5%	5%	15%	10%
2	10	-	-	-	5%
3	7	10%	10%	-	5%
4	11	-	5%	5%	5%
5	1	-	-	-	-
6	14	10%	5%	-	-
7	4	5%	-	5%	-
8	21	20%	10%	15%	10%
9	2	-	5%	-	-
10	1	-	-	-	-
11	33	-	-	-	-
12	12	-	-	-	15%
13	10	10%	20%	15%	5%
14	1	-	-	-	-
15	1	-	5%	-	-
16	1	-	-	-	-
17	8	5%	-	-	-
18	1	-	-	-	-
19	2	-	-	-	-
20	3	5%	-	-	5%
21	5	-	-	-	-
22	5	-	-	-	-
23	4	-	-	-	-
24	17	5%	10%	-	-
25	35	20%	20%	35%	20%
26	2	-	-	-	5%
27	1	-	-	-	-
28	1	-	-	-	-
29	1	-	-	-	-
30	1	-	-	-	-
31	8	-	5%	5%	5%

Grandes avanços foram alcançados no desenvolvimento da embriogênese somática para *Pinus taeda*, sendo um método promissor para a implementação da silvicultura clonal. No entanto, a frequência de iniciação de culturas embriogênicas, que é altamente variável entre as famílias de *Pinus taeda* (MACKAY et al., 2006), precisa melhorar, de forma a aumentar o número de clones superiores no campo, para avançar ainda mais na implementação desta tecnologia em conjunto com o programa de melhoramento genético.

4. CONCLUSÕES

Conclui-se que há variabilidade genética e possibilidade de ganhos genéticos para os caracteres presença de embriões somáticos e número de clones propagados via embriogênese somática pela seleção de famílias de *Pinus taeda* destinadas à embriogênese somática. Houve baixa ou nenhuma correlação genética entre o número de clones propagados via embriogênese somática e as características altura, diâmetro (*dap*), sobrevivência e volume, avaliadas aos quatro anos de idade. Desde modo, a família com maior número de clones propagados via embriogênese somática pode não apresentar os melhores genótipos para características de crescimento.

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

ALCANTARA, G. B. de; RIBAS, L. L. F.; HIGA, A. R.; RIBAS, K. C. Z. Efeitos do ácido indolbutírico (AIB) e da coleta de brotações em diferentes estações do ano no enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 36, n. 78, p. 151-156, jun. 2008.

ALCANTARA, G. B.; RIBAS, L. L. F.; HIGA, A. R.; ZUFFELLATO-RIBAS, K. C.; KOEHLER, H. S. Efeito da idade da muda e da estação do ano no enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. **Revista Árvore**. Viçosa, v. 31, n. 3, p. 399-404, 2007.

ANDREJOW, G. M. P.; HIGA, A. R. Potencial de enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. provenientes de brotação apical de mudas jovens. **FLORESTA**, Curitiba, PR, v. 39, n. 4, p. 897-903, 2009.

BALTUNIS, B. S.; HUBER, D. A.; WHITE, T. L.; GOLDFARB, B.; STELZER, H. E. Genetic analysis of early field growth of loblolly pine clones and seedlings from the same full-sib families. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 37, p. 195–205, 2007.

BALTUNIS, B. S.; WU, H. X.; DUNGEY, H. S.; TIM MULLIN, T. J.; BRAWNER, J. T. Comparisons of genetic parameters and clonal value predictions from clonal trials and seedling base population trials of radiata pine. **Tree Genetics and Genomes**, v. 5, p. 269–278, 2009.

BALTUNIS, B.; BRAWNER, J. Clonal stability in *Pinus radiata* across New Zealand and Australia. I. Growth and form traits. **New Forests**, v. 40, n. 3, p. 305-322, 2012.

BALTUNIS, B.S.; MARTIN, T.A.; HUBER, D.A.; DAVIS, J.M. Inheritance of foliar stable carbon isotope discrimination and third-year height in *Pinus taeda* clones on contrasting sites in Florida and Georgia. **Tree Genetics & Genomes**, v. 4, p. 797–807. 2008.

BECWAR, M.R. Initiation of embryogenic cultures and somatic embryo development in loblolly pine (*Pinus taeda*). **Canadian Journal of Research**, v. 20, n. 6, p. 810-817, 1990.

BENOWICZ, A.; GROSSNICKLE, S. C.; EL-KASSABY, Y. A. Field assessment of Douglasfir somatic and zygotic seedlings with respect to gas exchange, water relations, and frost hardiness. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 32, p. 1822–1828, 2002.

CAGNELUTTI, A. F.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.1, p.17-24, 2007.

CARNEROS, E.; CELESTINO, C.; KLIMASZEWSKA, K.; PARK, Y. S.; TORIBIO, M.; BONGA, J.M. Plant regeneration in Stone pine (*Pinus pinea* L.) by somatic embryogenesis. **Plant Cell**, v. 98, p.165–178, 2009.

CHAVEZ, L. A.; FLINN, B. S.; EGERTSDOTTER, U.; SEDEROFF, R. Initiation of somatic embryogenesis from immature zygotic embryos of Oocarpa pine (*Pinus oocarpa* Schiede ex Schlechtendal). **Tree Physiology**, v. 31, p. 539–554, 2011.

CHOU DHURY, H.; KUMARIA, S.; TANDON, P. Induction and maturation of somatic embryos from intact megagametophyte explants in Khasi pine (*Pinus kesiya* Royle ex. Gord.). **Current Science**, v. 95, p. 1433–1438, 2008.

CYR, D. R.; LAZAROFF, W. R.; GRIMES, S. M. A.; QUAN, Q. Q.; BETHUNE, T. D.; DUNSTAN, D. I.; ROBERTS, D. R. Cryopreservation of interior spruce (*Picea glauca engelmanni* complex) embryogenic cultures. **Plant Cell Reports**, v. 13, p. 574–577, 1994.

DEAN, C. A. Genetic Parameters of Somatic Clones of Coastal Douglas-fir at 5 1/2-Years across Washington and Oregon, USA. **Silvae Genetica**, v. 57, p. 269-275, 2008.

GROSSNICKLE, S. C.; FOLK, R. Stock quality assessment of a somatic interior spruce seedlot. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 22, p. 197–202, 2005.

HOGBERG, K. A.; BOZHKO V, P. V.; GNONNOOS, R.; ANXOLO, S.V. Critical factors affecting ex vitro performance of somatic embryo plants of *Picea abies*. **Scandinavian Journal of Forest Research**, v.16, n. 4, p.295-304, 2001.

ISIK, F.; LI, B. L.; FRAMPTON, J. Estimates of additive, dominance and epistatic genetic variances from a clonally replicated test of loblolly pine. **Forest Science**, v. 49, p. 77–88, 2003.

KLABIN. **Plano de manejo florestal 2011**: resumo público Telêmaco Borba – PR. Telêmaco Borba: Klabin, 2011. 24 p.

KLABIN. **Plano de manejo florestal**: resumo público Santa Catarina. Otacílio Costa: Klabin, 2009. 12 p.

KLIMASZEWSKA, K.; PARK, Y. S.; OVERTON, C.; MACEACHERON, I.; BONGA, J. M. Optimized somatic embryogenesis in *Pinus strobus* L. **In Vitro Cell Dev Biol-Plant**, v. 37, p.392–399, 2001.

LELU, M. A.; BASTIEN, C.; DRUGEAULT, A.; GOUEZ, M. L.; KLIMASZEWSKA, K. Somatic embryogenesis and plantlet development in *Pinus sylvestris* and *Pinus pinaster* on medium with and without growth regulators. **Physiol Plant**, v. 105, p. 719–728, 1999.

MACKAY, J. J.; BECWAR, M R.; PARK, Y. S.; CORDERRO, J. P.; PULLMAN, G. S. Genetic control of somatic embryogenesis initiation in loblolly pine and implications for breeding. **Tree Genetics and Genomes**, v. 2, n. 1, p. 1-9, 2006.

MALABADI, R. B.; NATARAJA, K.; KUMAR, S. V.; MULGUND, G. S. Journey of a single cell to a plantlet *via in vitro* cloning mature trees of conifers. **Research in Biotechnology**, v. 2, n. 6, p. 01-07, 2011.

MIGUEL, C.; GONCALVES, S.; TERESO, S.; MARUM, L.; OLIVEIRA, M. M. Somatic embryogenesis from 20 open-pollinated seed families of Portuguese plus trees of maritime pine. **Plant Cell Tissue Org Cult**, v. 76, p.121–130, 2004.

NISKANEN, A. M.; LU, J.; SEITZ, S.; KEINONEN, K.; VON WEISSENBERG, K.; PAPPINEN, A. Effect of parent genotype on somatic embryogenesis in Scots pine (*Pinus sylvestris*). **Tree Physiol**, v. 24, p. 1259–1265, 2004.

O'NEILL, G. A.; RUSSELL, J. H.; HOOGE, B. D.; OTT, P. K.; HAWKINS, C. B. D. Estimating gains from genetic tests of somatic emblings of interior spruce. **Forest Genetics**, v. 12, n. 1, p. 57-66, 2005.

PARK, Y. S.; BARRETT, J. D.; BONGA, J. M. Application of somatic embryogenesis in high-value clonal forestry: Deployment, genetic control, and stability of cryopreserved clones. **In vitro cellular developmental biology plant**, v. 34, p. 231–239, 1998.

PARK, Y.S. Implementation of conifer somatic embryogenesis in clonal forestry: technical requirements and deployment considerations. **Annals of Forest Science**, v. 59, p. 651–656, 2002.

PULLMAN, G. S.; BUCALO, K. Pine somatic embryogenesis using zygotic embryos as explants. **Methods in Molecular Biology**, v. 710, p. 267-291, 2011.

PULLMAN, G. S.; CHOPRA, R.; CHASE, K. M. Loblolly pine (*Pinus taeda* L.) somatic embryogenesis: improvements in embryogenic tissue initiation by supplementation of medium with organic acids, vitamins B₁₂ and E. **Plant Science**, v. 170, p. 648-658, 2006.

PULLMAN, G. S.; JOHNSON, S.; PETER, G.; CAIRNEY, J.; XU, N. Improving loblolly pine somatic embryo maturation: comparison of somatic and zygotic embryo morphology, germination, and gene expression. **Plant Cell Reports**, v. 21, p. 747–758, 2003.

RESENDE , M. D. V. de; DUARTE , J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002, 975 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Selegen – Reml/Blup:Sistema estatístico e Seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa florestas, 2007, 361p.

SUTTON, B. Commercial delivery of genetic improvement to conifer plantations using somatic embryogenesis. **Forest Science**, v. 59, p. 657–661, 2002.

WAHID, N.; RAINVILLE, A.; LAMHAMEDI, M. S.; MARGOLIS, H. A.; BEAULIEU, J.; DEBLOIS, J. Genetic parameters and performance stability of white spruce somatic seedlings in clonal tests. **Forest Ecology and Management**, v. 270, p.45–53, 2012.

WALTER, M. A. L.; CARDOU, M. B.; KLIMASZEWSKA, K. Simplified and improved somatic embryogenesis for clonal propagation of *Pinus pinaster* (Ait.). **Plant Cell Reports**, v. 26, p. 767–776, 2006.

CONCLUSÕES GERAIS

Com base na avaliação genética dos testes clonais de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática, concluiu-se que:

- 1) A presença de variabilidade genética significativa para os caracteres *dap*, altura total e volume nos testes clonais permitiu um ganho adicional à seleção entre famílias tradicionalmente empregadas no melhoramento de *Pinus taeda*, sendo que a seleção para o caráter volume pode ser praticada com boa precisão a partir do quarto ano de idade.
- 2) A seleção de clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática embasada no diâmetro (*dap*) representa o volume com uma adequada precisão.
- 3) A seleção dos clones deve ser feita de forma específica para cada ambiente, devido à alta magnitude da interação “*genótipo x ambiente*”. Outra opção é a adoção de um único programa, porém fazendo uso também, na seleção desses clones, de seus atributos de adaptabilidade e estabilidade;
- 4) Com a seleção simultânea por estabilidade e adaptabilidade, os ganhos aumentaram 10% em relação à média das testemunhas comerciais, em comparação com a seleção pelos valores genotípicos preditos. Esse ganho estimado é um indicativo de que a técnica de embriogênese somática é eficiente na propagação de clones com bons potenciais produtivos, agregando maior eficiência aos programas de melhoramento genético de *Pinus taeda*.
- 5) A análise de medidas repetidas não conduziu a valores superiores de acurácia em relação à análise univariada na estimação dos parâmetros genéticos de clones de *Pinus taeda* propagados via embriogênese somática.
- 6) Segundo os resultados do modelo estabelecido para a correlação entre idades juvenil-adulta, a seleção precoce pode ser feita em clones de *Pinus taeda* com alta eficiência de seleção.
- 7) A estratégia de embriogênese somática em *Pinus taeda*, a partir de cone imaturo, requer a instalação de testes clonais para a seleção dos indivíduos superiores.

8) Há variabilidade genética e possibilidade de ganhos genéticos altos para os caracteres presença de embriões somáticos e número de clones propagados via embriogênese somática, com a seleção de famílias de *Pinus taeda* destinadas à embriogênese somática. Há baixa ou nenhuma correlação genética entre o número de clones propagados via embriogênese somática e as características altura, diâmetro, sobrevivência e volume, aos quatro anos de idade.