

## ARTIGO ORIGINAL

# Estratégias de seleção genética para silvicultura clonal em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*

Genetic selection strategies applied to *Pinus caribaea* var. *hondurensis* in clonal forestry systems

Vanessa Ishibashi<sup>1</sup> , Paulo César Flôres Junior<sup>2</sup> , Diego Tyszka Martinez<sup>1</sup> , Alexandre Siqueira Guedes Coelho<sup>3</sup> , Antonio Rioyei Higa<sup>1</sup> 

<sup>1</sup>Universidade Federal do Paraná – UFPR, Curitiba, PR, Brasil

<sup>2</sup>Universidade Rural do Amazonas – UFRA, Belém, PA, Brasil

<sup>3</sup>Universidade Federal de Goiás – UFGO, Goiânia, GO, Brasil

**Como citar:** Ishibashi, V., Flôres Junior, P. C., Martinez, D. T., Coelho, A. S. G., & Higa, A. R. (2022). Estratégias de seleção genética para silvicultura clonal em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. *Scientia Forestalis*, 50, e3858. <https://doi.org/10.18671/scifor.v50.30>

## Resumo

Um dos fatores que limitam a expansão de povoamentos clonais de *Pinus spp.* é a dificuldade de propagação vegetativa de material genético adulto, idade em que a seleção de árvores é mais efetiva. Uma alternativa, neste caso, é a seleção e clonagem de famílias de irmãos completos selecionadas geneticamente, o que permite que as plantas se multipliquem ainda juvenis e com alta predisposição ao enraizamento. Neste contexto, o objetivo do presente estudo foi determinar as capacidades gerais e específicas de combinação, além de obter estimativas de parâmetros genéticos, em um teste de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis*, visando a seleção de clones para formação de povoamentos clonais. O teste de progênies foi instalado em 2006, com 79 progênies, e foi conduzido sob delineamento de blocos completos casualizados, com 15 repetições. As parcelas foram constituídas por uma única planta. Para análise foi utilizado o modelo autorregressivo de primeira ordem para os efeitos residuais combinado com o modelo que inclui os efeitos de competição entre indivíduos. As estimativas de  $CV_{gp\%}$  foram superiores às de  $CV_{gi\%}$  para DAP e VOL. As estimativas de  $\hat{h}_4^2$  foram de alta magnitude para DAP e VOL aos onze anos de idade. Os efeitos não aditivos foram predominantes no controle genético das variáveis analisadas em todas as idades. Houve pouco efeito das CGC sobre a variação genética das variáveis analisadas em todas as idades. A seleção dos cinco melhores cruzamentos para formação de povoamentos clonais propicia ganhos de 12,7 a 29,6% em volume, nos futuros povoamentos clonais. Para novos ciclos de seleção, é recomendável a manutenção de bancos ativos de germoplasma. Neste sentido, sugere-se que a melhor estratégia seja selecionar o melhor indivíduo de cada cruzamento, substituindo-se as 14 progênies por seus genitores.

**Palavras-chave:** Clonagem; Capacidade geral de combinação; Capacidade específica de combinação; *Pinus tropica*.

## Abstract

One of the factors that limit the expansion of *Pinus sp.* clonal forests is the difficulty of vegetatively propagating adult genetic material, which is the age in which tree selection is more effective. An alternative, in this case, is the selection and cloning of genetic selected full-sib families, which allows the plants to be multiplied when they are still juvenile and with a high predisposition to rooting. In this context, the objective of the present study was to determine the general and specific combining abilities, in addition to obtaining estimates of genetic parameters, in a test of full-sib progenies of *P. caribaea* var. *hondurensis*, aiming at the selection of clones for the formation of clonal forests. The progeny test was

**Fonte de financiamento:** Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES). Finance Code 001.

**Conflito de interesse:** Nada a declarar.

**Autor correspondente:** vanessa.ishibashi@gmail.com

**Recebido:** 21 fevereiro 2022.

**Aceito:** 13 julho 2022.

**Editor:** Mauro Valdir Schumacher.



Este é um artigo publicado em acesso aberto (Open Access) sob a licença Creative Commons Attribution, que permite uso, distribuição e reprodução em qualquer meio, sem restrições desde que o artigo científico seja corretamente citado.

installed in 2006, with 79 progenies, planted under a randomized complete block design, with 15 replications and single tree plots. For analysis, the first order autoregressive model was used for residual effects combined with the model that includes the effects of competition between individuals. Estimates of  $CV_{gp\%}$  were higher than those of  $CV_{gi\%}$  for DAP and VOL. The  $\hat{h}_A^2$  estimates were of high magnitude for DAP and VOL at age 11 years. Non-additive effects were predominant in the genetic control of the variables analyzed at all ages. There was little CGC effect on the genetic variation of the variables analyzed at all ages. The selection of the five best crosses for the formation of clonal forests provides gains of 12.7 to 29.6% in volume in future clonal forests. For new selection cycles, the maintenance of active germplasm banks is recommended. In this sense, it is suggested that the best strategy is to select the best individual from each cross, except in the case of 14 progenies which performed worse than their parents.

**Keywords:** Cloning; General combining ability; Specific combining ability; Tropical pine.

## INTRODUÇÃO

A crescente demanda de madeira tem resultado na necessidade de escolha de espécies de rápido crescimento, que produzam matéria-prima que atendam as demandas de abastecimento das indústrias do setor florestal. Várias espécies do gênero *Pinus* têm sido plantadas, em todo o mundo, em função da qualidade da madeira, tolerância a pragas, doenças e adaptação às condições ambientais adversas (Munhoz et al., 2021).

É uma das espécies mais plantadas nas regiões tropicais do mundo (Aguiar et al., 2014) e no Brasil, a espécie é encontrada nas regiões Sudeste e Centro-Oeste e algumas áreas das regiões Norte e Nordeste, exceto no Semiárido. Os autores salientam que, além da produtividade e qualidade da madeira, a espécie é preferida em relação às outras variedades de *P. caribaea* e a outros pinus tropicais em função de produzir resina em quantidade viável para a exploração comercial.

Considerando as limitações de ganhos genéticos em programas de melhoramento tradicionalmente desenvolvidos por propagação seminal, a clonagem tende a desempenhar papel importante na consolidação da competência das indústrias brasileiras neste mercado (Dias et al., 2018). A clonagem proporciona homogeneização da matéria-prima, permitindo otimizar os processos, contribuindo, principalmente, para reduzir os custos de produção (Assis & Mafia, 2007).

Entretanto, um grande obstáculo à silvicultura clonal de espécies do gênero *Pinus* é a dificuldade de resgate de material genético adulto, por apresentarem envelhecimento fisiológico, o que leva a baixas taxas de enraizamento de estacas e micro estacas (Alcantara et al., 2007; Degenhardt-Goldbach et al., 2020). Outro ponto é a impossibilidade de promover o rejuvenescimento por meio de brotos basais, como é feito com o eucalipto (Assis & Resende, 2011).

Os cruzamentos controlados e a existência de heterose funcional em nível de progênies são úteis para capturar os benefícios da capacidade específica de combinação (CEC) por meio da clonagem de progênies superiores para implantação de populações florestais de alto rendimento. Por meio da clonagem de progênies, as plantas podem ser multiplicadas quando ainda em desenvolvimento juvenil e com alta predisposição ao enraizamento (Assis & Resende, 2011).

O termo capacidade geral de combinação (CGC) é utilizado para se designar a desempenho médio de um genótipo em combinação híbrida e, fornece informações a respeito da concentração de genes de efeitos predominantemente aditivos. Por outro lado, o termo capacidade específica de combinação (CEC) é utilizado para se designar os desvios que certas combinações híbridas apresentam em relação ao desempenho médio dos genótipos envolvidos e, fornece informações acerca dos genes de efeitos não-aditivos (Griffing, 1956).

Neste contexto, o objetivo do presente estudo é determinar as capacidades gerais e específicas de combinação, além de obter estimativas de parâmetros genéticos, em um teste de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis*, visando a seleção de clones para formação de povoamentos clonais.

## MATERIAL E MÉTODOS

### Material genético e descrição do experimento

A área de estudo está localizada no município de Prata (MG), altitude média de 630 m, predominância de clima tropical com estação seca durante o inverno (Aw), com temperatura média de 22 °C e precipitação pluvial média de 1.500 mm anuais. Os solos, no geral, são ácidos e de baixa fertilidade, classificados como Latossolo Vermelho-escuro álico (Amaral et al., 2004).

A população base de *P. caribaea* var. *hondurensis* foi constituída a partir de plantios comerciais formados por sementes oriundas de uma Área de Produção de Sementes (APS), procedência Agudos (SP) e origem Poptun (Guatemala). A seleção fenotípica das matrizes na população base foi realizada em 1993, quando as árvores estavam com quatro anos de idade, utilizando uma proporção de indivíduos selecionados de 1:5.000. Os critérios de seleção utilizados foram: volume de madeira, retidão do fuste, menor quantidade de galhos, espessura de galhos, maior distância de internódios e regularidade entre internódios.

Nos anos de 1998, 1999 e 2000 foram realizados cruzamentos controlados entre as matrizes selecionadas e em 2006 houve a instalação do teste de progênies com 79 progênies de irmãos completos, em delineamento de blocos completos casualizados, com 15 repetições e parcelas constituídas por uma única planta. As progênies foram obtidas de cruzamentos envolvendo 24 genitores femininos e 43 genitores masculinos, não obedecendo um delineamento de cruzamentos pré-estabelecido. O espaçamento utilizado no experimento foi de 3 m x 2 m.

Em 2012 foi realizado um desbaste retirando todos os indivíduos de 20 progênies consideradas como de desempenho inferior. Em 2014 outras 15 progênies foram desbastadas, permanecendo 44 progênies e 615 indivíduos no teste (Tabela 1).

**TABELA 1** – Descrição geral do teste de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis* no decorrer dos anos.

Ano	Idade	Nº Progênies	Nº Genitores Masculinos	Nº Genitores Femininos	Nº Indivíduos	Árvores remanescentes (%)
2009	3	79	43	24	1.147	94,4
2013	7	59	38	21	847	69,7
2017	11	44	33	16	615	50,6

Para a análise estatística, foram avaliadas as variáveis quantitativas: altura total da árvore (H, em metros - m), diâmetro do fuste à altura do peito (DAP, em centímetros - cm) e volume real de madeira (VOL, em decímetros cúbicos - dm<sup>3</sup>) nas idades de três, sete e onze anos. O volume foi calculado utilizando a equação:

$$VOL = [(\pi DAP^2 / 40)] \times H \times 0,42 \quad (1)$$

O fator de forma utilizado foi estabelecido pelos gestores do experimento.

A variável altura total, nas idades de sete e onze anos, foi submetida à transformação de Box-Cox, pois não apresentou homogeneidade das variâncias residuais.

### Análise estatística

Os dados foram submetidos à análise estatística considerando a estrutura experimental e, posteriormente, considerando os cruzamentos. Para a primeira, considerou-se o modelo misto de competição (Resende et al., 2005; Cappa & Cantet, 2008):

$$y = Xb + Z_d a_d + Z_c a_c + Z_p p + \xi + \eta \quad (2)$$

onde  $y$  é o vetor de dados fenotípicos,  $b$  é o vetor dos efeitos fixos de blocos,  $a$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos aleatórios individuais,  $f$  é o vetor de efeitos genéticos aleatórios das progênie de irmãos completos, e  $e$  é o vetor de erros ou resíduos aleatórios associados a cada uma das observações.  $X$ ,  $Z$  e  $W$  representam as matrizes de incidência que associam os efeitos fixos e aleatórios a  $y$ . Os resíduos foram particionados em espacialmente dependentes ( $\xi$ ) e independentes ( $\eta$ ). Os resíduos espacialmente dependentes ( $\xi$ ) são modelados usando uma estrutura de covariância que assume um processo autorregressivo de primeira ordem separável em linhas ( $\rho_{col}$ ) e colunas ( $\rho_{row}$ ), para o qual a matriz  $R$  é:

$$R = (\sigma_{\xi}^2 [AR1(\rho_{col}) \otimes AR1(\rho_{row})] + \sigma_{\eta}^2 I) \tag{3}$$

onde,  $\sigma_{\xi}^2$  é a variância residual espacialmente dependente entre coluna e linhas,  $\sigma_{\eta}^2$  é a variância residual independente,  $\otimes$  é a notação de produto direto e  $AR1(\rho)$  representa o produto de primeira ordem matriz de correlação autorregressiva em direções de coluna e linha, respectivamente.

Os valores genéticos diretos, e de competição para mães e filhos, estão incluídos nos vetores aleatórios  $a_d$  e  $a_c$ , ligado aos dados fenotípicos  $y$  através das matrizes  $Z_d$  e  $Z_c$ , respectivamente. Cada linha ( $i$ ) de  $Z_d$  tem todos os elementos iguais a 0, exceto 1 na coluna  $j(i)$ . Da mesma forma, cada linha  $i$  da matriz  $Z_c$  tem todos os elementos iguais a zero, exceto na posição  $j = j_1, \dots, j_{m_i}$  correspondendo aos  $m_i$  vizinhos da árvore  $i$ , com valores  $f_{ij}$ . Esses coeficientes positivos podem ser interpretados como intensidade da competição (IC) que cada vizinho exerce sobre o fenótipo da  $i$ -ésima árvore (Cappa et al., 2017). Para árvores em testes genéticos plantadas em uma grade retangular ou quadrada, a média nas direções de linha, coluna e diagonal ( $f_{iR-C}$  e  $f_{iD}$ ) são calculadas como (Cappa & Cantet, 2008):

$$f_{iR-C} = \sqrt{\frac{2}{2n_{iR-C} + n_{iD}}} \tag{4}$$

$$f_{iD} = \frac{1}{\sqrt{2n_{iR-C} + n_{iD}}} \tag{5}$$

Para abordagem baseada em *pedigree*, o vetor dos valores genéticos é distribuído como (Cappa et al., 2017):

$$\begin{bmatrix} a_d \\ a_c \end{bmatrix} \sim N \left( \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \sigma_{Ad}^2 & \sigma_{AdAc} \\ \sigma_{AdAc} & \sigma_{Ac}^2 \end{bmatrix} \otimes A \right) \tag{6}$$

onde  $\sigma_{Ad}^2$  é a variância genética aditiva direta,  $\sigma_{Ac}^2$  é a variância dos valores genéticos de competição e  $\sigma_{AdAc}$  são suas covariâncias. O vetor  $\rho_c$  incluem os efeitos de competição ambiental tal que  $\rho_c \sim N(0, I\sigma_p^2)$ , onde  $\sigma_p^2$  é a variância dos efeitos de competição ambiental. A matriz  $Z_p$  é composta pelas colunas não nulas de  $Z_c$  (Cappa et al., 2017).

Para a segunda análise, considerou-se o modelo:

$$y = Xb + Za + Wf + e \tag{7}$$

onde  $y$  é o vetor de dados fenotípicos,  $b$  é o vetor dos efeitos fixos de blocos,  $a$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos aleatórios individuais,  $f$  é o vetor de efeitos genéticos aleatórios das progênie de irmãos completos, e  $e$  é o vetor de erros ou resíduos aleatórios associados a cada uma das observações.  $X$ ,  $Z$  e  $W$  representam as matrizes de incidência que associam os efeitos fixos e aleatórios a  $y$ .

### Estimativa de parâmetros genéticos

Os componentes de variância foram estimados usando Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) que foram obtidos utilizando o algoritmo da maximização da expectativa (EM) utilizando o software R (R Core Team, 2015) com a função `rem190` do pacote `breedR` (Muñoz & Sanchez, 2019).

A herdabilidade no sentido restrito ( $\hat{h}_a^2$ ) foi estimada utilizando:

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_{esp}^2} \tag{8}$$

onde  $\hat{\sigma}_a^2$  é variância genética aditiva,  $\hat{\sigma}_f^2$  é a variância de progênie,  $\hat{\sigma}_e^2$  é a variância residual,  $\hat{\sigma}_{esp}$  é a variância espacial.

A herdabilidade no sentido amplo ( $\hat{h}_A^2$ ) foi estimada utilizando:

$$\hat{h}_A^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{dom}^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_{esp}^2} \tag{9}$$

onde  $\hat{\sigma}_{dom}^2$  é a variância de dominância,

A correlação genética (*cor*) entre as variáveis foi estimada utilizando:

$$cor = COV_{x,y} / \sqrt{\hat{\sigma}_x^2 \times \hat{\sigma}_y^2} \tag{10}$$

onde  $\hat{\sigma}_x^2$  a variância da variável x,  $\hat{\sigma}_y^2$  a variância da variável y e a  $COV_{x,y}$  a covariância entre as variáveis.

O coeficiente de variação genética aditiva individual ( $CV_{gi\%}$ ) foram estimados com base na seguinte expressão:

$$CV_{gi\%} = 100 \times \sqrt{\hat{\sigma}_a^2 / \bar{x}} \tag{11}$$

onde  $\hat{\sigma}_a^2$  é a variância genética aditiva,  $\bar{x}$  é a média do teste.

Os coeficientes de variação genotípica ( $CV_{gp\%}$ ) foram estimados com base na seguinte expressão:

$$CV_{gp\%} = 100 \times \sqrt{\hat{\sigma}_{fam}^2 / \bar{x}} \tag{12}$$

onde  $\hat{\sigma}_{fam}^2$  é a variância de famílias,  $\bar{x}$  é a média do teste.

Os coeficientes de variação residual ( $CV_{res\%}$ ) foram estimados com base na seguinte expressão:

$$CV_{res\%} = 100 \times \sqrt{\hat{\sigma}_e^2 / \bar{x}} \tag{13}$$

onde  $\hat{\sigma}_{res}^2$  é a variância residual,  $\bar{x}$  é a média do teste.

Os ganhos de seleção (*GS*), para cada característica, foram estimados com base na seguinte expressão:

$$GS = \sum_n VG / n \tag{14}$$

onde *VG* é o valor genético predito e *n* é o número de indivíduos selecionados.

Para cálculo do tamanho efetivo populacional (*Ne*) foi utilizada a expressão:

$$Ne = (2 \times N_f \times K_f) / (K_f + 1 + (\hat{\sigma}_{Kf}^2 / K_f)) \tag{15}$$

onde  $N_f$  é o número de progênies selecionadas,  $K_f$  é o número médio de indivíduos selecionados por progênie e  $\hat{\sigma}_{Kf}^2$  é a variância do número de indivíduos selecionados por progênie.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

### Parâmetros Genéticos

Os valores estimados de incrementos médios anuais (Tabela 2) foram superiores aos encontrados por Moraes et al. (2007) e Silva et al. (2011) para DAP e H, e similares aos reportados na literatura para VOL, em testes de progênies desbastados da mesma espécie. Isso demonstra o bom desempenho silvicultural do material empregado no presente estudo.

Souza et al. (2017), estudaram diferentes procedências da mesma espécie, e obtiveram estimativas de coeficientes de variação genotípica ( $CV_{gp\%}$ ) inferiores aos coeficientes de variação genética aditiva individual ( $CV_{gi\%}$ ) e, assim, recomendaram que a seleção em nível de indivíduos deveria ser priorizada por apresentar maiores valores.

No presente trabalho, os  $CV_{gp\%}$  foram superiores aos  $CV_{gi\%}$  para DAP e VOL, sendo mais interessante a seleção de progênies. Com exceção da variável H aos três anos, as herdabilidades no sentido restrito ( $\hat{h}_a^2$ ) e no sentido amplo ( $\hat{h}_A^2$ ) aumentaram após os desbastes para DAP e VOL, mesmo com a redução de aproximadamente metade das progênies e indivíduos (Tabela 2). Ressalta-se que o modelo usado na análise contempla a análise espacial e de competição, que permite que o modelo considere diferentes números de vizinhos em linhas, colunas e diagonais mesmo quando mortalidade e bordas estão presentes, usando o índice de competição (IC) como covariáveis (Cappa & Cantet, 2008).

A estimativa de  $\hat{h}_A^2$  foi de alta magnitude para DAP e VOL aos onze anos de idade (Tabela 2), indicando uma situação favorável a seleção genotípica ou clonal. Esse parâmetro, além de expressar a proporção das características dos indivíduos que serão transmitidos de uma geração para outra é também um parâmetro que pode determinar a estratégia de seleção a ser aplicada (Souza et al., 2017).

Dias et al. (2018), avaliando clones de *Pinus taeda* propagados por embriogênese somática aos onze anos de idade, encontraram  $CV_{gi\%}$  maiores aos encontrados nesse trabalho e estimativas menores de  $\hat{h}_A^2$ .

**TABELA 2** - Estimativas de componentes de variância, e parâmetros genéticos, para diâmetro do fuste à altura do peito (DAP, cm), altura total da árvore (HT, m) e volume real de madeira (VOL, dm<sup>3</sup>) aos três, sete e onze anos de idade, em irmãos completos *Pinus caribaea* var. *hondurensis*.

Variável	DAP			H			VOL		
	Idade (anos)								
Parâmetro	3	7	11	3	7	11	3	7	11
M	13,814	20,766	23,323	8,998	18,778	23,947	58,224	279,787	455,681
$\hat{\sigma}_a^2$	0,282	0,675	3,172	0,205	0,031	0,413	0,413	401,700	6924,300
$\sigma_{Ad}^2$	0,222	0,352	0,057	0,195	0,022	0,101	26,470	204,200	467,300
$\sigma_{Ac}^2$	0,059	0,323	3,115	0,010	0,009	0,312	6,370	197,500	6457,000
$\sigma_{fam}^2$	0,725	1,324	2,794	0,313	0,365	0,001	66,140	1300,000	4489,000
$\hat{\sigma}_e^2$	0,246	0,413	13,890	1,293	6,163	1,642	271,000	4693,000	26270,000
$\hat{\sigma}_{esp}^2$	2,415	10,070	0,569	0,513	0,100	0,261	8,501	5505,000	0,123
$\hat{\sigma}_{dom}^2$	2,901	5,296	11,176	1,250	1,460	0,003	264,560	5200,000	17956,000
$\hat{\sigma}_g^2$	3,183	5,971	14,348	1,455	1,491	0,416	264,973	5601,700	24880,300
$\hat{\sigma}_{fen}^2$	3,668	12,481	20,425	2,323	6,659	2,317	378,481	11899,700	37683,423
$CV_{gi\%}$	3,843	3,955	7,636	5,027	0,937	2,684	1,104	7,163	18,261
$CV_{res\%}$	3,588	3,093	15,979	12,637	13,221	5,351	28,274	24,485	35,569
$CV_{gp\%}$	6,165	5,541	7,167	6,213	3,218	0,116	13,968	12,887	14,703
$\hat{h}_A^2$	0,868	0,478	0,702	0,626	0,224	0,180	0,700	0,471	0,660
$\hat{h}_a^2$	0,077	0,054	0,155	0,088	0,005	0,178	0,001	0,034	0,184

Onde:  $\mu$  é a média geral,  $\hat{\sigma}_a^2$  é variância genética aditiva,  $\hat{\sigma}_{Ad}^2$  é a variância direta da competição,  $\hat{\sigma}_{Ac}^2$  é a variância de competição,  $\hat{\sigma}_{fam}^2$  é a variância de progênie,  $\hat{\sigma}_e^2$  é a variância residual,  $\hat{\sigma}_{esp}^2$  é a variância espacial,  $\hat{\sigma}_{dom}^2$  é a variância de dominância,  $\hat{\sigma}_g^2$  é a variância genotípica,  $\hat{\sigma}_{fen}^2$  é a variância fenotípica,  $\hat{h}_A^2$  é a herdabilidade no sentido amplo,  $\hat{h}_a^2$  é a herdabilidade no sentido restrito,  $CV_{gi\%}$  é o coeficiente de variação genética aditiva individual,  $CV_{res\%}$  é o coeficiente de variação residual,  $CV_{gp\%}$  é o coeficiente de variação genotípica.

### Capacidades de combinação

Os resultados da análise de deviance não mostraram diferenças significativas pelo teste de Qui-quadrado, a 95% de probabilidade, para os efeitos aditivos em todas as variáveis e idades, indicando que no controle genético dessas variáveis há pouca influência da capacidade geral de combinação (CGC) (Tabela 3). Diferente do encontrado por Tambarussi et al. (2018), avaliando híbridos de *Pinus elliottii* x *Pinus caribaea*, que encontrou predomínio desses efeitos na população estudada.

Inexistência de diferença significativa para os efeitos de capacidade específica de combinação (CEC) para variável H foi identificada após o segundo desbaste. Identificou-se diferenças significativas para os efeitos de CEC para as demais variáveis e idades, demonstrando que efeitos não aditivos foram predominantes no controle genético das características (Tabela 3). Esse fato aliado aos valores de  $\hat{h}_A^2$  encontrados (Tabela 2), sugere que uma estratégia que pode ser recomendada para o melhoramento genético dessa população é a produção de clones dos melhores cruzamentos – a clonagem de progênies de irmãos completos.

**TABELA 3** - Análise de Deviance para as variáveis diâmetro do fuste à altura do peito (DAP), altura total da árvore (H) e volume real de madeira (VOL) aos três, sete e onze anos de idade, em irmãos completos de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*.

Efeito	DAP3		DAP7		DAP11	
	Deviance	LTR	Deviance	LTR	Deviance	LTR
Genético Aditivo	2515,36	1,14 <sup>ns</sup>	2957,43	0,04 <sup>ns</sup>	2390	0,01 <sup>ns</sup>
CEC	2599,4	85,18*	2976,59	19,2*	2401	10,97*
Completo	2514,22		2957,39		2390	
Efeito	H3		H7		H11	
	Deviance	LTR	Deviance	LTR	Deviance	LTR
Genético Aditivo	2167,88	2,06 <sup>ns</sup>	2499,17	0,02 <sup>ns</sup>	1907	0,02 <sup>ns</sup>
CEC	2199,22	33,4*	2507,87	8,68*	1909	1,74 <sup>ns</sup>
Completo	2165,82		2499,19		1907	
Efeito	VOL3		VOL7		VOL11	
	Deviance	LTR	Deviance	LTR	Deviance	LTR
Genético Aditivo	7788,53	1,4 <sup>ns</sup>	8659,89	0,01 <sup>ns</sup>	6920	0 <sup>ns</sup>
CEC	7852,5	65,37*	8682,81	22,93*	6931	11,12*
Completo	7787,13		8659,88		6920	

\* Significativo a 5% de probabilidade. Onde: CEC são os efeitos da capacidade específica de combinação e LTR é teste da razão de verossimilhança.

Para DAP, o melhor cruzamentos foi o 238x507 aos três anos de idade e o 25x501 aos sete e onze anos. Para H, o melhor cruzamento aos três anos de idade foi 22x509, o 343x399 aos sete anos e 509x261 aos onze anos. Para VOL 22x509 aos três anos de idade, 25x501 aos sete anos e onze anos de idade (Tabela 4). Aos onze anos de idade, houve correspondência de nove entre os dez melhores cruzamentos entre DAP e VOL e seis entre H e as outras variáveis (Tabela 4).

Os cruzamentos que apresentaram o maior potencial para utilização foram os 25x501 e 509x261, que evidenciaram elevada CEC, e estavam presentes entre os dez melhores cruzamentos para todas as variáveis e idades (Tabela 4).

As correlações do ordenamento dos cruzamentos entre as variáveis na mesma idade foram de moderadas a altas (Tabela 5). Geralmente as correlações genéticas entre variáveis de crescimento são altas, como no estudo de Moraes et al. (2007), Belaber et al. (2018), Liang et al. (2019), Munhoz et al. (2021), entre outros. Nesse caso há possibilidade de utilizar o método de seleção direta, ou seja, aumentos em uma variável tendem a serem acompanhados de aumentos em outro, não necessitando de restrições na seleção para obtenção de ganhos desejados (Moraes et al., 2007).



**TABELA 4** - Estimativa dos efeitos da capacidade específica de combinação (CEC), para as variáveis diâmetro do fuste à altura do peito (DAP), altura total da árvore (H) e volume real de madeira (VOL) aos três, sete e onze anos de idade, em irmãos completos de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*.

Variável	DAP			H			VOL		
	Idade (anos)								
	3	7	11	3	7	11	3	7	11
Cruzamento									
25x501	1,107 <sup>1</sup>	2,529 <sup>1,2</sup>	2,961 <sup>1,2</sup>	0,225	0,451 <sup>1</sup>	0,827 <sup>1</sup>	8,271 <sup>1</sup>	79,313 <sup>1,2</sup>	92,705 <sup>1,2</sup>
22x509	1,366 <sup>1</sup>	2,092 <sup>1</sup>	2,113 <sup>1</sup>	1,304 <sup>1,2</sup>	0,424 <sup>1</sup>	0,899 <sup>1</sup>	20,847 <sup>1,2</sup>	70,849 <sup>1</sup>	67,203 <sup>1</sup>
509x261	0,375	1,075 <sup>1</sup>	1,497 <sup>1</sup>	0,262	0,482 <sup>1</sup>	1,149 <sup>1,2</sup>	5,172	39,004 <sup>1</sup>	49,456 <sup>1</sup>
238x507	1,608 <sup>1,2</sup>	1,214 <sup>1</sup>	1,349 <sup>1</sup>	0,167	0,379	0,987 <sup>1</sup>	13,535 <sup>1</sup>	33,109	49,141 <sup>1</sup>
501x399	0,778 <sup>1</sup>	1,366 <sup>1</sup>	1,229 <sup>1</sup>	0,082	0,407	0,487 <sup>1</sup>	7,065 <sup>1</sup>	47,136 <sup>1</sup>	42,933 <sup>1</sup>
407x261	1,565 <sup>1</sup>	1,745 <sup>1</sup>	1,545 <sup>1</sup>	0,366	0,457 <sup>1</sup>	0,129	14,087 <sup>1</sup>	56,880 <sup>1</sup>	42,703 <sup>1</sup>
373x399	0,953 <sup>1</sup>	1,289 <sup>1</sup>	1,574 <sup>1</sup>	0,705 <sup>1</sup>	0,117	0,367	12,596 <sup>1</sup>	36,884 <sup>1</sup>	42,501 <sup>1</sup>
259x430	0,952 <sup>1</sup>	1,478 <sup>1</sup>	1,368 <sup>1</sup>	0,427 <sup>1</sup>	0,482 <sup>1</sup>	0,634 <sup>1</sup>	9,017 <sup>1</sup>	47,501 <sup>1</sup>	37,942 <sup>1</sup>
313x395	0,966 <sup>1</sup>	1,725 <sup>1</sup>	1,301 <sup>1</sup>	0,457 <sup>1</sup>	0,546 <sup>1</sup>	0,564 <sup>1</sup>	9,865 <sup>1</sup>	58,790 <sup>1</sup>	36,647 <sup>1</sup>
342x503	0,604	0,993	1,092	0,120	-0,132	-0,115	4,482	34,050 <sup>1</sup>	32,140 <sup>1</sup>
353x144	-0,012	0,706	0,249	0,890 <sup>1</sup>	0,183	0,407	4,963	25,210	18,034
343x399	-0,455	-0,018	0,260	0,368	0,604 <sup>1</sup>	0,751 <sup>1</sup>	-2,223	8,030	17,061
395x509	0,679	1,348 <sup>1</sup>	1,113 <sup>1</sup>	-0,254	-0,329	-0,9703 <sup>3</sup>	4,405	33,979 <sup>1</sup>	15,531
428x399	1,079 <sup>1</sup>	1,010	0,739	0,399	0,413 <sup>1</sup>	0,097	9,789 <sup>1</sup>	30,457	11,093
243x399	0,226	0,072	-0,065	-0,200	0,324	0,166	-0,541	9,955	1,448
273x503	0,433	0,606	0,050	-0,219	0,226	0,461	0,691	14,821	0,389
63x509	-0,228	0,040	0,045	0,072	0,346	0,683 <sup>1</sup>	-2,281	6,021	0,118
255x505	0,044	-0,005	-0,085	0,328	0,088	0,393	1,969	0,708	0,025
273x509	0,380	0,405	0,131	-0,245	0,295	0,096	-0,383	17,053	-0,287
295x293	0,528	0,110	-0,253	0,762 <sup>1</sup>	0,491 <sup>1</sup>	0,656 <sup>1</sup>	8,040 <sup>1</sup>	5,202	-0,590
137x362	0,395	0,426	0,081	0,096	-0,150	-0,217	2,545	-1,258	-1,301
509x505	0,363	0,407	0,005	0,073	0,100	-0,283	2,194	13,089	-1,379
324x393	0,033	-0,338	-0,378	0,514 <sup>1</sup>	0,299	0,351	3,932	-5,907	-3,535
30x393	0,055	-0,008	-0,477	0,014	0,479 <sup>1</sup>	0,483	-0,226	0,776	-4,052
293x503	-0,158	-0,538	-0,334	0,078	-0,269	-0,085	-0,505	-14,025	-6,407
302x422	0,240	0,236	-0,161	0,099	0,322	-0,029	1,670	4,915	-7,878
343x505	0,626	-0,355	-0,604	0,119	0,107	-0,182	3,279	-8,533	-9,234
392x261	0,725	0,001	-0,201	0,105	0,001	-0,343	5,348	1,139	-9,529
22x501	0,069	0,526	0,535	-0,519 <sup>3</sup>	-0,355	-0,376	-2,249	6,399	-12,801
25x507	-0,103	0,097	-0,368	0,361	0,245	-0,221	1,527	8,318	-18,056
313x393	-0,220	-0,319	-0,792	0,511 <sup>1</sup>	0,305	-0,355	2,025	-6,884	-18,419
419x261	-0,211	-0,555	-0,431	-0,394	-0,047	-0,131	-4,367	-14,313	-18,558
255x313	-0,049	-0,247	-1,117 <sup>3</sup>	0,363	0,400	0,092	1,485	-0,343	-22,766
27x501	-0,064	0,037	-0,584	-0,227	-0,372 <sup>3</sup>	-0,891 <sup>3</sup>	-1,698	-1,964	-23,712
257x120	-0,429	-0,580	-1,069 <sup>3</sup>	-0,031	0,155	-0,015	-2,783	-16,808	-24,279
375x507	-0,006	-0,718	-1,318 <sup>3</sup>	-0,109	-0,210	-0,559 <sup>3</sup>	-0,805	-20,059	-25,723 <sup>3</sup>
255x503	-0,681	-0,485	-0,852	-0,246	-0,332	-0,638 <sup>3</sup>	-4,271	-20,896	-26,149 <sup>3</sup>
357x399	-0,879 <sup>3</sup>	-0,521	-0,767	-0,219	0,207	-0,161	-7,974 <sup>3</sup>	-14,201	-27,264 <sup>3</sup>
243x422	0,201	-0,665	-0,986 <sup>3</sup>	0,191	-0,296	-0,943 <sup>3</sup>	2,166	-24,932 <sup>3</sup>	-27,516 <sup>3</sup>
31x509	0,265	-0,404	-0,713	-0,384	-0,307	-0,681 <sup>3</sup>	-1,682	-13,513	-31,024 <sup>3</sup>
158x430	0,288	-0,239	-0,894 <sup>3</sup>	-0,462 <sup>3</sup>	-0,453 <sup>3</sup>	-0,969 <sup>3</sup>	-2,009	-15,168	-33,750 <sup>3</sup>
510x501	0,151	-0,292	-1,055 <sup>3</sup>	0,203	0,145	0,140	1,142	-9,653	-35,202 <sup>3</sup>
343x261	-0,262	-0,674	-1,503 <sup>3</sup>	0,098	-0,367 <sup>3</sup>	-0,640 <sup>3</sup>	-0,916	-17,493	-35,606 <sup>3</sup>
501x507	0,048	-0,351	-1,136 <sup>3</sup>	-0,468 <sup>3</sup>	-0,268	-0,718 <sup>3</sup>	-2,734	-17,849	-43,846 <sup>3</sup>
509x399	0,010	-0,888 <sup>3</sup>	-1,947 <sup>3</sup>	-0,018	-0,449 <sup>3</sup>	-0,969 <sup>3</sup>	0,089	-27,560 <sup>3</sup>	-72,678 <sup>3</sup>
340x428	0,679	-0,842 <sup>3</sup>	-	-0,079	-0,836 <sup>3</sup>	-	3,719	-38,082 <sup>3</sup>	-
342x505	0,555	-	-	0,396	-	-	4,691	-	-
375x154	0,507	-0,079	-	0,388	-1,287 <sup>3</sup>	-	5,779	-27,067 <sup>3</sup>	-
28x393	0,248	-1,386 <sup>3</sup>	-	-0,414	-0,932 <sup>3</sup>	-	-1,026	-50,915	-
137x154	0,212	-	-	-1,018 <sup>3</sup>	-	-	-5,091	-	-
293x342	0,170	-0,662	-	-0,008	0,120	-	0,150	-22,386	-
324x428	0,121	-	-	0,205	-	-	2,536	-	-
222x503	0,002	-0,767	-	-0,134	0,004	-	-0,683	-20,971	-
222x353	0,000	-	-	0,165	-	-	1,462	-	-
153x362	-0,021	-	-	-0,457 <sup>3</sup>	-	-	-3,885	-	-
31x393	-0,036	-0,848 <sup>3</sup>	-	0,040	-0,076	-	-0,475	-21,617	-
137x507	-0,063	-	-	0,014	-	-	-1,021	-	-
259x293	-0,074	-0,912 <sup>3</sup>	-	0,244	-0,443 <sup>3</sup>	-	-0,396	-29,934 <sup>3</sup>	-
222x278	-0,084	-0,821	-	0,567	0,018	-	2,125	-21,313	-
293x238	-0,098	-	-	-0,205	-	-	-1,413	-	-



**TABELA 4** – Continuação...

Variável	DAP			H			VOL		
	Idade (anos)								
Cruzamento	3	7	11	3	7	11	3	7	11
502x507	-0,131	-	-	-0,737 <sup>3</sup>	-	-	-6,254	-	-
273x430	-0,145	-0,869 <sup>3</sup>	-	-0,368	-0,671 <sup>3</sup>	-	-4,054	-32,783 <sup>3</sup>	-
509x428	-0,235	-1,417 <sup>3</sup>	-	0,349	-0,344	-	-0,430	-42,753 <sup>3</sup>	-
342x261	-0,311	-0,930 <sup>3</sup>	-	-0,170	-0,126	-	-3,513	-24,793	-
24x507	-0,321	-0,750	-	-0,235	-0,210	-	-3,653	-24,802	-
222x505	-0,430	-	-	-0,046	-	-	-4,146	-	-
222x261	-0,457	-	-	0,011	-	-	-4,511	-	-
342x501	-0,491	-1,319 <sup>3</sup>	-	-0,300	-0,487 <sup>3</sup>	-	-3,923	-35,860 <sup>3</sup>	-
26x48	-0,566	-1,245 <sup>3</sup>	-	0,732 <sup>1</sup>	0,143	-	-0,383	-33,446 <sup>3</sup>	-
153x144	-0,589	-	-	-0,360	-	-	-6,331	-	-
513x428	-0,669	-	-	-0,342	-	-	-6,712 <sup>3</sup>	-	-
507x505	-0,720 <sup>3</sup>	-	-	-0,278	-	-	-7,341 <sup>3</sup>	-	-
419x428	-0,842 <sup>3</sup>	-	-	-0,388	-	-	-6,553 <sup>3</sup>	-	-
407x509	-0,868 <sup>3</sup>	-0,142	-	-0,489 <sup>3</sup>	-0,322	-	-8,858	-12,485	-
26x507	-0,917 <sup>3</sup>	-	-	0,096	-	-	-6,329	-	-
29x428	-0,938 <sup>3</sup>	-	-	-0,509 <sup>3</sup>	-	-	-8,314 <sup>3</sup>	-	-
137x430	-0,992 <sup>3</sup>	-	-	-0,456	-	-	-9,541 <sup>3</sup>	-	-
278x422	-1,293 <sup>3</sup>	-	-	-0,686 <sup>3</sup>	-	-	-12,653 <sup>3</sup>	-	-
273x392	-1,420 <sup>3</sup>	-	-	-0,021	-	-	-9,749 <sup>3</sup>	-	-
259x505	-3,565 <sup>3</sup>	-	-	-1,512 <sup>3</sup>	-	-	-22,130 <sup>3</sup>	-	-

<sup>1</sup> dez melhores cruzamentos de cada variável/idade, <sup>2</sup> o melhor cruzamento de cada variável/idade e <sup>3</sup> dez piores cruzamentos de cada variável/idade.

**TABELA 5** – Correlações entre as variáveis diâmetro do fuste à altura do peito (DAP), altura total da árvore (H) e volume real de madeira (VOL) aos três, sete e onze anos de idade, em irmãos completos de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*.

	Genitores Maternos					
	H3	VOL3	H7	VOL7	H11	VOL11
DAP3	0,43	0,86				
H3		0,79				
DAP7			0,62	0,96		
H7				0,72		
DAP11					0,65	0,94
H11						0,77

### Seleção para clonagem de progênies

Considerando a seleção dos cinco melhores cruzamentos, as estimativas de ganhos em relação à média do experimento, com base nos valores genotípicos, variaram de 12,7 a 29,6% em volume (Tabela 6), valores que são superiores aos encontrados por Souza et al. (2017) na seleção de progênies de *P. caribaea* var. *hondurensis*.

Na implantação de uma silvicultura clonal, o material de propagação dos cruzamentos selecionados deve ser mantido em bancos genéticos ou jardins clonais em viveiro para posterior clonagem.

**TABELA 6** – Ganhos genéticos estimados para seleção clonal em teste de progênies de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis*.

Cruzamento	GS <sub>DAP</sub>	GS <sub>DAP%</sub>	GS <sub>HT</sub>	GS <sub>HT%</sub>	GS <sub>VOL</sub>	GS <sub>VOL%</sub>
5x481	3,19	13,7	0,17	0,7	134,67	29,6
489x241	1,64	7,0	0,24	1	72,68	15,9
387x241	1,66	7,1	0,05	0,2	71,51	15,7
353x379	1,73	7,4	0,16	0,7	67,39	14,8
481x379	1,36	5,8	0,11	0,5	57,77	12,7

Onde: GS<sub>DAP</sub> é o ganho genético em DAP; GS<sub>DAP%</sub> é o ganho genético em DAP em porcentagem; GS<sub>HT</sub> é o ganho genético em altura total; GS<sub>HT%</sub> é o ganho genético em altura total em porcentagem; GS<sub>VOL</sub> é o ganho genético em volume; GS<sub>VOL%</sub> é o ganho genético em volume em porcentagem.

### Conservação do material genético em campo

Na seleção de clones para condições edafoclimáticas específicas, os processos naturais que afetam a diversidade genética são em grande parte ignorados (Ingvarsson & Dahlberg, 2019). Pensando nisso, para novos ciclos de seleção, é recomendável a manutenção do material genético. Isso pode ser realizado na forma de pomares clonais de sementes. Para tal, uma alternativa é realizar a seleção de indivíduos em teste de progênes.

Nesse ponto os ganhos genéticos não são o alvo principal, mas sim um maior tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ). Após a simulação de algumas estratégias de seleção, a melhor estratégia é selecionar o melhor indivíduo de cada cruzamento substituindo 14 progênes por seus genitores (Tabela 7). É relevante examinar se os indivíduos do experimento são superiores às suas matrizes, quando isso não ocorre o genitor deverá incluído no PCS e não suas progênes.

**TABELA 7** – Ganhos genéticos estimados para seleção de indivíduos em teste de progênes de irmãos completos de *P. caribaea* var. *hondurensis* para formação de um Pomar Clonal de Sementes.

Estratégia de Seleção	N	GS <sub>DAP%</sub>	GS <sub>HT%</sub>	GS <sub>VOL%</sub>	$N_f$	$K_f$	$\sigma_{K_f}^2$	$N_e$
Todos os indivíduos dos dez melhores cruzamentos	131	0,0	0,5	1,0	10	13,1	2,5	18,3
Cinco indivíduos dos dez melhores cruzamentos	50	0,0	0,6	1,2	10	5	0,0	16,7
Um indivíduo de cada progênie no teste	44	0,0	0,5	0,7	44	1,0	0,0	44,0
Um indivíduo de cada progênie no teste incluindo genitores	44	2,0	0,0	4,0	44	1,0	0,0	44,0

Onde: N é o número de indivíduos selecionados, GS<sub>DAP%</sub> é o ganho genético em DAP em porcentagem, GS<sub>HT%</sub> é o ganho genético em altura total em porcentagem, GS<sub>VOL%</sub> é o ganho genético em volume em porcentagem,  $N_f$  é o número de progênes selecionadas,  $K_f$  é o número médio de indivíduos selecionados por progênie e  $\sigma_{K_f}^2$  é a variância do número de indivíduos selecionados por progênie.

### CONCLUSÃO

As análises realizadas no teste de progênes de *P. caribaea* var. *hondurensis* em diferentes idades permitem concluir que:

- Os efeitos não aditivos são predominantes no controle genético das variáveis analisadas em todas as idades. Há pouco efeito da CGC no controle genético das variáveis analisadas em todas as idades.
- A seleção dos cinco melhores cruzamentos para formação de povoamentos florestas clonais propicia ganhos de 12,7 a 29,6% em volume de madeira nas plantações clonais.
- Para novos ciclos de seleção, é recomendável a manutenção de bancos ativos de germoplasma na forma de pomares clonais de sementes (PCS).

### AGRADECIMENTOS

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Faber-Castell pelo apoio durante o desenvolvimento deste estudo.

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aguiar, A. V., Souza, V. A., & Shimizu, J. Y. (2014). Cultivo do pinus. *Embrapa Florestas: Sistema de Produção*. Recuperado em 21 de fevereiro de 2022, de <https://goo.gl/Hrj7bv>
- Alcantara, G. B. D., Ribas, L. L. F., Higa, A. R., Ribas, K. C. Z., & Koehler, H. S. (2007). Efeito da idade da muda e da estação do ano no enraizamento de miniestacas de *Pinus taeda* L. *Revista Árvore*, 31(3), 399-404. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-67622007000300005>.
- Amaral, F. C. S., Santos, H. G., Áglío, M. L. D., Duarte, M. N., Pereira, N. R., Oliveira, R. P., & Carvalho Junior, W. D. (2004). *Mapeamento de solos e aptidão agrícola das terras do Estado de Minas Gerais* (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento). Rio de Janeiro: Embrapa Solos.
- Assis, T. F., & Mafia, R. G. (2007). Hibridação e clonagem. In: A. Borém (Ed.), *Biotecnologia florestal Viçosa* (pp. 93-121). Viçosa: Universidade Federal de Viçosa.

- Assis, T. F., & Resende, M. D. V. (2011). Genetic improvement of forest tree species. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 11(spe), 44-49. <http://dx.doi.org/10.1590/S1984-70332011000500007>.
- Belaber, E. C., Gauchat, M. E., Reis, H. D., Borralho, N. M., & Cappa, E. P. (2018). Genetic parameters for growth, stem straightness, and branch quality for *Pinus elliottii* var. *elliottii* × *Pinus caribaea* var. *hondurensis* F1 hybrid in Argentina. *Forest Science*, 64(6), 595-608. <http://dx.doi.org/10.1093/forsci/fxy021>.
- Cappa, E. P., & Cantet, R. (2008). Direct and competition additive effects in tree breeding: bayesian estimation from an individual tree mixed model. *Silvae Genetica*, 57(2), 45-56. <http://dx.doi.org/10.1515/sg-2008-0008>.
- Cappa, E. P., El-Kassaby, Y. A., Muñoz, F., Garcia, M. N., Villalba, P. V., Klápště, J., & Poltri, S. N. M. (2017). Improving accuracy of breeding values by incorporating genomic information in spatial-competition mixed models. *Molecular Breeding*, 37(10), 1-13. <http://dx.doi.org/10.1007/s11032-017-0725-6>.
- Degenhardt-Goldbach, J., Quisen, R., & Alcântara, G. B. (2020). *Micropropagação de Pinus caribaea Morelet var. hondurensis Barr. & Golf* (Comunicado Técnico, 447). Colombo: Embrapa Florestas.
- Dias, P. C., Xavier, A., Resende, M. D. V., Barbosa, M. H. P., Biernaski, F. A., & Estopa, R. A. (2018). Genetic evaluation of *Pinus taeda* clones from somatic embryogenesis and their genotype x environment interaction. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 18(1), 55-64. <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332018v18n1a8>.
- Griffing, B. (1956). Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, 9(4), 463-493. <http://dx.doi.org/10.1071/B19560463>.
- Ingvarsson, P. K., & Dahlberg, H. (2019). The effects of clonal forestry on genetic diversity in wild and domesticated stands of forest trees. *Scandinavian Journal of Forest Research*, 34(5), 370-379. <http://dx.doi.org/10.1080/02827581.2018.1469665>.
- Liang, D., Wang, B., Song, S., Wang, J., Wang, L., Wang, Q., Ren, X., & Zhao, X. (2019). Analysis of genetic effects on a complete diallel cross test of *Pinus koraiensis*. *Euphytica*, 215(5), 1-12. <http://dx.doi.org/10.1007/s10681-019-2414-5>.
- Moraes, M. L. T., Missio, R. F., Silva, A. M., Cambuim, J., Santos, L. A., & Resende, M. D. V. (2007). Efeito do desbaste seletivo nas estimativas de parâmetros genéticos em progênes de *Pinus caribaea* Morelet var. *hondurensis*. *Scientia Forestalis*, 74, 55-65.
- Munhoz, L. V., Biernaski, F. A., Peres, F. S., Dias, A. N., & Tambarussi, E. V. (2021). Predicted genetic gains for growth traits and Genotype x Environment interaction in *Pinus greggii*: new perspectives for genetic improvement in Brazil. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 93(3, Supl.3), e20201486. PMID:34644723. <http://dx.doi.org/10.1590/0001-3765202120201486>.
- Muñoz, F., & Sanchez, L. (2019). *BreedR: statistical methods for forest genetic resources analysts. R package version 0.12-4*. Recuperado em 21 de fevereiro de 2022, de <https://github.com/famuvie/breedR>.
- R Core Team. (2015). *R: a language and environment for statistical computing*. Vienna: R Foundation for Statistical Computing.
- Resende, M. D. V., Stringer, J., Cullis, B. R., & Thompson, R. (2005). Joint modelling of competition and spatial variability in forest field trials. *Revista de Matemática e Estatística*, 23(2), 7-22.
- Silva, J. M., Aguiar, A. V., Mori, E. S., & Moraes, M. L. T. (2011). Variação genética e ganho esperado na seleção de progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea* em Selvíria, MS. *Scientia Forestalis*, 39(90), 241-252.
- Souza, T. D. S., Santos, W. D., Deniz, L. D., Alves, A. P. D. O., Shimizu, J. Y., Sousa, V. A., & Aguiar, A. V. (2017). Variação genética em caracteres quantitativos em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. *Scientia Forestalis*, 45(113), 177-185. <http://dx.doi.org/10.18671/scifor.v45n113.18>.
- Tambarussi, E. V., Marques, E. G., Andrejow, G. M. P., Peres, F. S. B., & Pereira, F. B. (2018). Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de *Pinus elliottii* × *Pinus caribaea* para a formação de populações de melhoramento. *Scientia Forestalis*, 46(119), 55-65. <http://dx.doi.org/10.18671/scifor.v46n119.07>.

**Contribuição dos Autores:** VI: conceptualization, data curation, formal analysis, methodology, writing – original draft, writing – review & editing, visualization; ARH: project administration, supervision, validation, visualization; PCFJ, DTM, and ASGC: validation, writing – review & editing.