

Ganhos Genéticos na Selecção de Características Biométricas das Pinhas e Semente de Pinheiro Manso

Alexandra Neves Carneiro

Estação Florestal Nacional, Depº Ecofisiologia e Melhoramento Florestal, Quinta do Marquês, 2780-159 OEIRAS

Introdução e Objectivos

O pinheiro manso (*Pinus pinea* L.) distribui-se por quase todos os países banhados pelo mar mediterrânico, como Espanha, França, Itália, Grécia, Turquia e países do Norte de Africa. No nosso país ocupa uma área de 77'650 *ha* dos quais 48'124 *ha* são de povoamentos puros e 29'526 *ha* são povoamentos mistos dominantes (DGF, 2001). Assume maior importância no distrito de Setúbal, em particular no concelho de Alcácer do Sal, considerado o “Solar do Pinheiro Manso”, onde a produção representa cerca de 70% da totalidade do país.

O pinheiro manso é um dos nossos recursos florestais de mais antigo aproveitamento. É uma árvore de exploração múltipla, em que os principais produtos resultantes são a madeira, a resina e o pinhão. Os dois primeiros têm hoje em dia uma importância diminuta, principalmente quando comparada com o grande interesse económico do fruto – o pinhão.

Além do valor económico, tem um papel fundamental de conservação e protecção, nomeadamente na recuperação de solos degradados e como abrigo de ventos marítimos.

O pinheiro manso, o sobreiro e a azinheira, marcam de forma bem característica a paisagem a sul do Tejo.

A recente retracção de área agricultada, a enorme plasticidade enquanto espécie, aliada ao facto de ser de instalação muito fácil, bem como à disponibilização recursos financeiros por intermédio da UE, contribuíram para um aumento no interesse da sua exploração nos últimos anos.

Em 1988, foi apresentado um esboço de um programa de melhoramento, cujo principal objectivo consistia em melhorar geneticamente a qualidade e quantidade de pinhão (Barreira e Alpuim, 1988). Desde então, foram iniciadas variadas acções integradas em projectos de *I&D* que visaram a implementação deste programa, nomeadamente os projectos PAMAF 2090 “Melhoramento do pinheiro manso (*Pinus pinea* L.)” para a produção de pinhão na região sul” e PIDDAC 212 “Melhoramento do pinheiro manso para a produção de pinhão”, ambos sob a responsabilidade da Estação Florestal Nacional.

Numa fase inicial de implementação do programa, delimitaram-se Regiões de Proveniência que constituíram a primeira identificação e selecção de material de reprodução de acordo com as normas de certificação de semente. Simultaneamente seleccionaram-se povoamentos bons produtores de pinhão que foram, posteriormente, inscritos no Catálogo Nacional de Materiais de Base (CNMB) (<http://www.dgrf.min-agricultura.pt>).

A selecção de árvores boas produtoras de pinhão (árvores plus), realizada nos povoamentos atrás referidos, foi o ponto de partida para o estabelecimento de novas áreas bem como a instalação de pomares clonais produtores de sementes/garfos.

Muito pouco se conhece sobre o sistema de transmissão genética das características da pinha e do pinhão. Não existem até ao momento estimativas de heritabilidade, que permitam definir concretamente a estratégia a seguir no melhoramento genético para esta espécie. Este parâmetro genético é normalmente estimado, através de uma estrutura de parentesco, ou seja de ensaios de descendência. Na ausência deste tipo de ensaios, a repetibilidade (para determinada característica) sendo um parâmetro que permite decompor a variância fenotípica em componentes ambientais, constitui um instrumento alternativo de decisão em programas de melhoramento genético. De facto, o valor deste parâmetro estabelece o limite superior para

a heritabilidade (Falconer, 1989) permitindo assim, de uma forma indirecta, avaliar os limites máximos do ganho genético para qualquer característica que estejamos interessados.

A selecção para uma determinada característica é importante não somente pelo impacto directo na sua expressão, como também na expressão de outras características que com ela possam estar correlacionadas em maior ou menor grau. Normalmente, a correlação genética refere-se à correlação entre valores genéticos aditivos (i.e. valores reprodutivos) de duas características métricas. No presente trabalho, as estimativas de correlações genéticas incluem também efeitos genéticos não aditivos e (assumindo que os efeitos ambientais permanentes ou não localizados são desprezíveis) representam as correlações entre valores genéticos totais (ou genotípicos) entre duas características. Assim, o objectivo deste trabalho consistiu em estimar os parâmetros genéticos mais relevantes: estimativas das componentes da variância genética, repetibilidade, correlações genéticas e fenotípicas, valores genéticos totais e ganhos associados às características morfológicas das pinhas e sementes da *Pinus pinea* L, de forma a encontrar correlações que sejam, numa perspectiva prática um instrumento eficaz e expedito de auxílio na selecção das características que se pretendem melhorar.

Material e Métodos

Material Vegetal

As pinhas foram colhidas em árvores de povoamentos pertencentes a quatro locais incluídos na região de proveniência V – "Charneca Miocénica e Pliocénica dos vales do Tejo e Sado" (Cardoso e Lobo, 2001), onde foi efectuada uma primeira avaliação de povoamentos produtores de pinhão. As quatro herdades incluídas no Catálogo Nacional de Materiais de Base são:

- Palma – Concelho e freguesia de Alcácer do Sal;
- Ervideira – Concelho de Alcácer do Sal, freguesia de Santa Maria do Castelo;
- Quinta de Sousa – Concelho de Vendas Novas, freguesia da Landeira;
- Zambujal – Concelho de Palmela, freguesia da Marateca.

Metodologia

Foram marcadas 10 árvores ao acaso em cada herdade. Destas foram tiradas também casualmente dez pinhas e registadas as medições nas características indicadas na *Tabela 1*.

Tabela 1 – Resumo das características em estudo da pinha e do pinhão

Característica	Unidades
Comprimento do miolo (CM)	cm
Largura do miolo (LM)	cm
Espessura do miolo (EM)	cm
Peso da casca (PC)	g
Peso do miolo (PM)	g
Comprimento da semente (CS)	cm
Largura da semente (LS)	cm
Espessura da semente (ES)	cm
Comprimento da Pinha (CP)	cm
Diâmetro maior da pinha (DMP)	cm
Peso da pinha (PP)	g
N.º de sementes por pinha (NS)	Unidade/pinha
Peso das sementes por pinha (PS)	g
Peso de cem sementes por pinha	g

Da totalidade de sementes por pinha foram retiradas e medidas 25, sendo esta operação feita quatro vezes com reposição. Para cada característica, foi usado o valor médio das 25 sementes registadas quatro vezes em cada pinha.

Análise estatística

Os dados individuais das árvores foram analisados de acordo com o seguinte modelo hierarquizado a dois factores:

$$Y_{ijk} = \mu + L_i + A_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

onde,

- Y_{ijk} é a observação relativa à pinha k na árvore j no local i ($k = 1, \dots, n$);
- μ é a média geral da população amostrada;
- L_i é o efeito fixo do local i ($i = 1, \dots, 4$);
- A_{ij} é o efeito aleatório relativo à diferença entre árvores no mesmo local, com variância σ_A^2 ($j = 1, \dots, 10$);
- ε_{ijk} é o resíduo aleatório, com variância σ^2

A tabela resumo deste tipo de delineamento tem o seguinte aspecto:

Tabela 2.– ANOVA modelo hierárquico (L fixo e A aleatório) para dados balanceados

<i>Fonte de variação</i>	<i>Graus de liberdade</i>	<i>Soma dos quadrados</i>	<i>Quadrados médios</i>	<i>Quadrado Médio Esperado</i>
Local	$l - 1$	SQL	$SQL / (l - 1)$	$\sigma^2 + n \sigma_A^2 + [n a \sum L_i^2 / (l - 1)]$
Árvore (local)	$l (a-1)$	SQA	$SQA / [l (a-1)]$	$\sigma^2 + n \sigma_A^2$
Resíduo	$l a (n-1)$	SQR	$SQR / [l a (n-1)]$	σ^2
Total	$l a n - 1$	SQT	-	-

Fonte: Montgomery (1976)

A análise de dados foi realizada usando o programa SAS, System for Windows release 8.1 (SAS Institute Inc., Cary, N.C. 2000).

O procedimento GLM (General Linear Models) foi utilizado para a análise de variância, pois algumas das características apresentaram dados não equilibrados (i.e. no número de observações por árvore). Neste contexto, é realizada uma análise ponderada de quadrados mínimos, (“Weighted Least Squares”) quando se calculam as estimativas da soma dos quadrados. Este cálculo corresponde à soma dos quadrados “Type III” do procedimento GLM. Em consequência, as médias calculadas correspondem a “Least Squares Means” (médias dos quadrados mínimos). As componentes da variância, que servirão para o cálculo de parâmetros genéticos, foram estimadas também com recurso ao procedimento GLM, usando quadrados médios esperados do Tipo III, da seguinte maneira:

$$\hat{\sigma}_A^2 = \frac{QMA - QMR}{k}$$

$$\hat{\sigma}^2 = QMR$$

onde,

- $\hat{\sigma}_A^2$ é a estimativa de variância entre árvores
- QMA é o quadrado médio da árvore.
- QMR é o quadrado médio residual.
- k é a média harmónica do numero de pinhas por arvore.
- $\hat{\sigma}^2$ é a estimativa de variância residual

O coeficiente k foi multiplicado pela componente de variância entre árvores, no quadrado médio esperado obtido a partir de somas dos quadrados do Tipo III.

O procedimento UNIVARIATE foi utilizado para calcular as estatísticas elementares, assim como, efectuar a análise dos resíduos no que diz respeito a desvios em relação à distribuição normal, e testados de acordo o teste de Shapiro e Wilk (1965). A homogeneidade da variância residual foi analisada através da observação de gráficos cujas coordenadas foram o resíduo (Y) e o valor previsto (X) para cada observação.

O procedimento NESTED do SAS foi utilizado para estimar covariâncias entre características, e relativas à componente árvore dentro do local. É de notar que este procedimento é adequado para dados equilibrados e, portanto, poderá omitir observações em que haja falhas, para uma ou ambas as características. Apesar disso, o nível de dados em falta é bastante pequeno, pelo que a perda de informação e o possível enviazamento resultante terá consequências desprezíveis.

O procedimento CORR do SAS foi utilizado para calcular correlações fenotípicas entre características, com base nas médias dos quadrados mínimos obtidas para cada árvore.

Parâmetros genéticos estimados

A repetibilidade (R) foi calculada segundo a fórmula seguinte:

$$R = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}^2}$$

onde:

- $\hat{\sigma}_A^2$ é a estimativa de variância entre árvores
- $\hat{\sigma}^2$ é a estimativa de variância residual

A repetibilidade em relação à média de observações por árvore (\bar{R}), foi calculada segundo:

$$\bar{R} = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}^2/k}$$

Para cada par de características, as estimativas de correlações genéticas totais (i.e. genotípicas) foram obtidas através de:

$$r_{g(X,Y)} = \frac{cov_{A(X,Y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_A^2(X) \hat{\sigma}_A^2(Y)}}$$

onde,

- $\hat{cov}_{A(X,Y)}$ é a componente de covariância estimada entre as características X e Y , e relativa à componente árvore dentro do local.

Para cada árvore e característica, foram obtidas estimativas de valores genéticos totais (VGt) (i.e. valores genotípicos), da seguinte forma:

$$VGt = (\bar{y}_{i.} - \bar{y}) + \bar{R} (\bar{y}_{ij.} - \bar{y}_{i.})$$

onde:

- $\bar{y}_{ij.}$ é a média dos quadrados mínimos para cada árvore.
- $\bar{y}_{i.}$ é a média dos quadrados mínimos para o local a que a árvore pertence;
- \bar{R} é repetibilidade em relação à média das por árvore;
- \bar{y} é a média geral da população.

O cálculo do ganho genético foi realizado tendo por base as estimativas dos valores genéticos totais. Estas serviram de base para ordenar as árvores por ordem decrescente da sua superioridade. Seguidamente, e para cada característica, procedeu-se à selecção das dez melhores árvores. Calculou-se a média dos valores genéticos totais das 10 melhores e comparou-se com a média da população (calculada com base nas médias dos quadrados mínimos da população), obtendo-se assim a estimativa do ganho genético esperado pela selecção.

Resultados e Discussão

Parâmetros genéticos estimados

Para os quatro locais em estudo, a *Tabela 3* apresenta, para as diferentes características em estudo, as componentes da variância estimadas para as árvores (entre árvores) e para o erro, juntamente com as repetibilidades relativas às observações individuais (R) e às médias de observações por árvore (\bar{R}). A repetibilidade das observações individuais variou entre 0,18 e 0,44. As características comprimento do miolo (CM) e comprimento da semente (CS), exibiram as estimativas mais altas enquanto a espessura do miolo (EM) e espessura da semente (ES), as mais baixas. Assim, em termos de estratégia, há a considerar dois casos: nas primeiras poderemos seguir, após a selecção massal, a via sexuada, enquanto que para as que apresentam menor repetibilidades, há que optar pela via vegetativa dos melhores indivíduos como forma de captar toda a variância genética não aditiva.

As magnitudes das repetibilidades relativas às médias (\bar{R}) são consideravelmente mais altas que as inerentes às observações individuais (R), reflectindo uma avaliação mais rigorosa do valor genético de um individuo a partir da média de medições repetidas, o que contribuirá para aumentar o ganho genético esperado a partir da selecção (Carneiro, 2002).

As repetibilidades em relação à média das observações foram estimadas para diferentes números de medições repetidas por árvore (i.e. fazendo variar k de 1 até 10). A *Figura 1*, mostra a tendência para o aumento assintótico da repetibilidade, quando se aumenta o número de observações repetidas, para quatro das características em análise. Como se pode observar, o número de medições necessário para uma avaliação mais precisa do valor genético de um candidato à selecção está dependente da magnitude estimada, com base nas observações individuais. A espessura do miolo (EM), é a característica com repetibilidade

individual mais baixa e a estimativa da repetibilidade relativa à média (\bar{R}) parece estabilizar entre a oitava e nona medições. Por outro lado, o comprimento do miolo (CM), com uma repetibilidade individual mais alta, apresenta um valor limite de (\bar{R}) por volta da sexta medição. No cômputo geral, quando aumentamos o número de medições de qualquer característica estamos a reduzir a contribuição relativa da variância devida ao ambiente. Esta redução resulta em ganho no rigor das estimativas de valores genéticos, o que contribuirá para aumentar a resposta à selecção.

Tabela 3 – Estimativas das componentes de variância e repetibilidades para as 14 características biométricas do Pinheiro manso. CM – comprimento do miolo; LM – largura do miolo; EM – Espessura do miolo; PM – peso do miolo; CS – comprimento da semente; LS – largura da semente; ES – espessura da semente; PC – peso da casca; CP – comprimento da pinha; DMP – diâmetro maior da pinha; PP – peso da pinha; NS – número de sementes por pinha; PS – Peso das sementes por pinha; PCEM – Peso de cem sementes por pinha

	CM	LM	EM	PM	CS	LS	ES
$\hat{\sigma}_{\text{ÁRVORES}}^2$	0,0024	0,0004	0,0002	0,1558	0,0044	0,0008	0,0005
$\hat{\sigma}_{\text{ERRO}}^2$	0,0034	0,0010	0,0010	0,4569	0,0056	0,0019	0,0018
R	0,42	0,26	0,18	0,25	0,44	0,28	0,22
\bar{R}	0,88	0,78	0,69	0,77	0,89	0,80	0,74
	PC	CP	DMP	PP	NS	PS	PCEM
$\hat{\sigma}_{\text{ÁRVORES}}^2$	1,4676	0,385530	0,041	1092,4837	85,4683	73,1748	38,2625
$\hat{\sigma}_{\text{ERRO}}^2$	3,3873	0,644999	0,1096	1934,1081	216,6795	148,9013	83,0823
R	0,30	0,37	0,27	0,36	0,28	0,33	0,32
\bar{R}	0,81	0,86	0,79	0,85	0,80	0,83	0,82

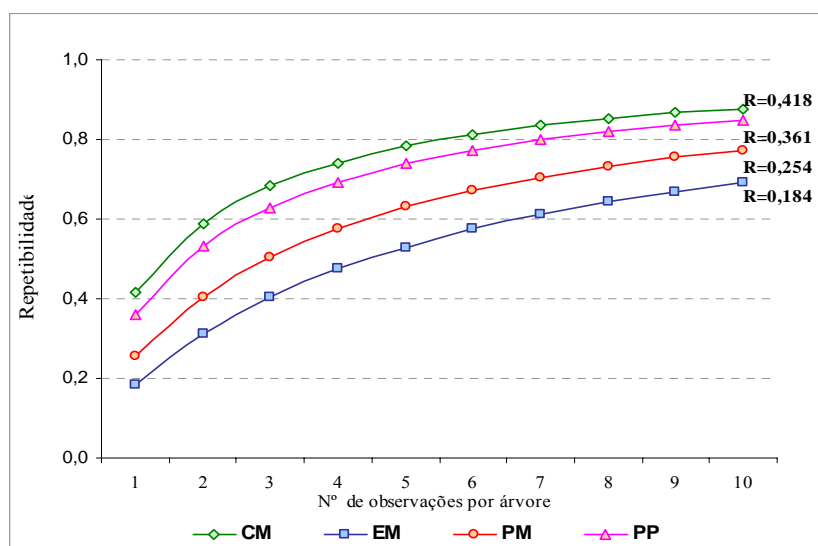


Figura 1 – Relação entre repetibilidade relativa à média das observações por árvore e número de medições para o comprimento e espessura do miolo, peso do miolo e peso da pinha. CM – comprimento do miolo; EM – Espessura do miolo; PM – peso do miolo; PP – peso da pinha.

Quando a repetibilidade individual (R) é alta, a variância devida ao ambiente específico é pequena e o aumento do número de medidas implica em pequeno ganho em rigor. Quando é baixa, o uso de medições repetidas pode conduzir a um ganho significativo em

rigor. Do ponto de vista prático, porém, é relativamente difícil estabelecer limites do número de observações a serem avaliados para o melhoramento de características. Além disso, o aumento do número de observações, na prática, poderá estar limitado por razões operacionais e ser definido de maneira diferente para cada situação particular (Falconer, 1989).

Correlações

A *Tabela 4* apresenta estimativas das correlações genéticas totais assim como as correlações fenotípicas calculadas com base nas médias das observações. Para a maioria das características, ambas as correlações apresentaram-se, elevadas e positivas o indicia que os factores genéticos poderão estar envolvidos nas associações consideradas.

Tabela 4 – Correlações genéticas totais (negrito) na diagonal inferior e correlações fenotípicas calculadas com base nas médias das observações, na diagonal superior entre as catorze características biométricas do Pinheiro manso. CM – comprimento do miolo; LM – largura do miolo; EM – Espessura do miolo; PM – peso do miolo; CS – comprimento da semente; LS – largura da semente; ES – espessura da semente; PC – peso da casca; CP – comprimento da pinha; DMP – diâmetro maior da pinha; PP – peso da pinha; NS – número de sementes por pinha; PS – peso das sementes por pinha; PCEM – peso de cem sementes

	CM	LM	EM	PM	CS	LS	ES	PC	CP	DMP	PP	NS	PS	PCEM
CM		0,677	0,352	0,731	0,905	0,730	0,665	0,829	0,671	0,456	0,664	0,014	0,599	0,819
LM	0,617		0,526	0,787	0,555	0,789	0,634	0,706	0,480	0,292	0,438	-0,278	0,299	0,699
EM	0,662	0,879		0,482	0,279	0,345	0,260	0,301	0,159	0,009	0,082	-0,304	-0,019	0,303
PM	0,896	0,912	0,908		0,651	0,689	0,581	0,689	0,482	0,296	0,423	-0,227	0,322	0,677
CS	0,999	0,534	0,581	0,821		0,726	0,677	0,807	0,683	0,482	0,684	0,068	0,648	0,831
LS	0,799	0,817	0,767	0,927	0,773		0,808	0,826	0,674	0,357	0,604	-0,159	0,493	0,851
ES	0,631	0,736	0,835	0,897	0,595	0,854		0,749	0,671	0,354	0,623	-0,087	0,496	0,776
PC	0,908	0,712	0,727	0,902	0,905	0,971	0,860		0,720	0,459	0,693	-0,039	0,580	0,854
CP	0,671	0,327	0,403	0,567	0,705	0,589	0,576	0,723		0,534	0,839	0,238	0,700	0,734
DMP	0,269	-0,189	-0,100	0,065	0,340	-0,047	-0,078	0,161	0,625		0,820	0,583	0,761	0,452
PP	0,559	-0,002	0,115	0,333	0,631	0,339	0,281	0,520	0,832	0,887		0,486	0,872	0,709
NS	-0,180	-0,682	-0,530	-0,403	-0,113	-0,552	-0,600	-0,389	0,025	0,746	0,486		0,695	-0,073
PS	0,527	-0,082	0,061	0,348	0,571	-0,596	0,034	0,394	0,557	0,896	0,860	0,703		0,662
PCEM	0,933	0,716	0,730	0,967	0,922	0,924	0,770	0,823	0,715	0,290	0,558	-0,276	0,486	

As características relativas à pinha que apresentam correlações significativas com as características morfológicas do pinhão têm uma importância fundamental neste estudo, dado as primeiras serem facilmente observadas e mensuradas no campo. No entanto, isto não retira, como é óbvio, a importância que representa o conhecimento de todos os parâmetros de correlações entre as diferentes características, importantes para avaliar as alterações indirectas que serão produzidas aquando da selecção artificial.

As características peso da casca (PC) × peso do miolo (PM) apresentaram uma correlação positiva e elevada, quer do ponto de vista genético (0,90) quer fenotípico (0,69). Este resultado indica que a selecção de plantas com maior peso do fruto levará ao aumento de uma das características da semente - a casca.

A correlação genética total entre o comprimento da pinha (CP) e o peso do miolo (PM), que apresenta um valor de 0,57, indica que a selecção para um maior comprimento da pinha contribuirá indirectamente para aumentar o peso do miolo. Referiu-se este exemplo, tendo em atenção o critério de selecção – facilidade com que a pinha pode ser observada e mensurada directamente no terreno e a característica económica com um peso muito relevante na qualidade do pinhão – o peso do miolo (PM). A correlação fenotípica das médias para as mesmas duas características apresenta uma estimativa de 0,48.

As correlações mais baixas, como por exemplo, entre o diâmetro maior da pinha (DMP) e o peso da casca (PC) que foi de 0,16, não deixam de ser úteis ao seleccionador que poderia ser tentado a usar mais uma vez como critério de selecção uma característica de fácil observação. Neste caso, contudo, ao usar o diâmetro maior da pinha (DMP) como critério de selecção, a eficiência da selecção indirecta será reduzida em virtude do baixo nível de correlação entre as duas características.

Observa-se que, de uma forma geral, as características que estão correlacionadas negativamente (o que no total dos pares correlacionados corresponde a 17,6%), praticamente só tem expressão para o número de sementes (NS). Para as características mais importantes no estudo (i.e. PP e PM), somente o peso do miolo (PM) apresenta uma correlação genética negativa, com magnitude relevante, com o número de sementes com um valor de -0,40 e fenotípica de -0,23.

Estimativa de valores genéticos totais

O valor genético de cada uma das 40 árvores apresenta-se na *Tabela 5*. Nesta tabela encontram-se assinaladas (negrito), as 10 árvores com valores genéticos totais mais elevados. Salienta-se (a sombreado) a melhor árvore para cada uma das características:

- árvore QS7 para sete das características em estudo: comprimento, largura e peso do miolo, comprimento e largura da semente, peso da casca e peso de cem sementes;
- árvore P1 para a espessura do miolo;
- árvore QS1 para a espessura da semente;
- árvore QS3 para o comprimento da pinha;
- árvore QS8 e QS9 para o diâmetro maior da pinha;
- árvore QS6 para o peso da pinha;
- árvore QS5 para peso das sementes por pinha.
- árvore P2 para o número de sementes por pinha.

Estas árvores "plus" poderão ser utilizadas no fornecimento de garfos para instalação de pomares clonais produtores de semente e bancos clonais com garantia do seu valor genético. Os primeiros têm como única finalidade a produção de pinhão de qualidade, garantido o máximo ganho genético de forma rápida e económica. Os bancos clonais, constituem uma forma de armazenar esta informação genética superior para actividades futuras.

Tabela 5– Valores genéticos totais; A negrito indica-se as 10 árvores com valores genéticos totais mais elevados ; número um no *ranking* a negrito e sombreado; média e desvio padrão por característica; CM – comprimento do miolo; LM – largura do miolo; EM – Espessura do miolo; PM – peso do miolo; CS – comprimento da semente; LS – largura da semente; ES – espessura da semente; PC – peso da casca; CP – comprimento da pinha; DMP – diâmetro maior da pinha; PP – peso da pinha; NS – número de sementes por pinha; PS – peso das sementes por pinha; PCEM – peso de cem sementes; QS – Quinta do Sousa; E – Ervideira; P – Palma; Z – Zambujal

car. árv.	CM	DM	EM	PC	PM	CS	LS	ES	CP	DMP	PP	NS	PS	PCEM
QS1	0.075	0.025	0.007	3.059	0.469	0.112	0.075	0.108	1.833	0.460	117.242	9.021	21.438	13.666
QS2	0.092	0.034	0.007	3.344	0.585	0.115	0.077	0.095	1.337	0.428	95.663	9.819	25.800	16.904
QS3	0.071	0.022	-0.006	3.669	0.276	0.106	0.081	0.066	2.022	0.468	115.585	9.979	22.311	15.168
QS4	0.077	0.022	-0.004	3.384	0.237	0.094	0.064	0.050	1.559	0.468	120.938	11.973	24.969	13.844
QS5	0.079	0.034	-0.008	2.694	0.469	0.095	0.065	0.052	1.345	0.515	98.296	13.010	30.620	17.810
QS6	0.115	0.041	-0.025	3.141	0.585	0.159	0.076	0.076	1.868	0.547	124.209	7.426	24.263	18.501
QS7	0.131	0.056	0.020	4.034	0.933	0.171	0.095	0.081	1.919	0.428	101.057	-1.270	20.192	22.529
QS8	0.072	0.026	-0.018	3.222	0.469	0.102	0.067	0.074	1.611	0.586	113.546	15.005	27.047	-11.369
QS9	0.085	0.036	0.002	3.506	0.469	0.107	0.058	0.075	1.105	0.586	101.780	8.303	23.765	17.331
QS10	0.078	0.036	0.002	3.750	0.353	0.117	0.081	0.078	1.568	0.444	102.204	2.958	17.491	16.630
E1	-0.055	-0.012	-0.005	-2.491	-0.305	-0.077	-0.043	-0.062	-0.584	0.361	-15.817	11.070	-0.300	-7.873
E2	-0.048	-0.008	-0.001	-0.956	-0.356	-0.050	-0.026	-0.040	-1.083	0.035	-41.144	-3.139	-9.403	-5.972
E3	-0.062	-0.024	-0.019	-2.328	-0.421	-0.101	-0.043	-0.052	-1.587	-0.088	-65.433	0.938	-11.600	-11.659
E4	-0.046	0.016	0.002	-1.232	-0.073	-0.082	-0.023	-0.046	-0.961	0.101	-43.556	-4.726	-9.897	-5.529
E5	-0.064	-0.016	-0.014	-1.760	-0.111	-0.086	-0.032	-0.044	-0.996	0.038	-30.685	4.767	-4.995	-7.959
E6	-0.034	-0.013	-0.006	-1.475	-0.343	-0.002	-0.026	-0.036	-0.901	-0.017	-36.122	-3.210	-9.108	-5.599
E7	-0.007	-0.017	0.000	-0.744	0.082	0.007	-0.014	-0.030	-0.379	0.046	-19.385	-0.338	-2.585	-1.173
E8	-0.037	-0.007	-0.005	-1.435	-0.073	-0.056	-0.031	-0.040	-0.910	-0.096	-55.790	-1.934	-7.529	-4.088
E9	-0.019	-0.005	-0.004	-0.663	0.043	-0.030	-0.020	-0.036	-1.235	0.069	-30.260	-0.657	-6.324	-5.069
E10	-0.083	-0.023	-0.004	-2.130	-0.442	-0.104	-0.050	-0.052	-1.635	-0.184	-80.320	-8.546	-17.897	-10.795
P1	0.046	0.026	0.031	0.090	0.508	0.015	0.027	0.007	-0.730	-0.620	-71.190	-17.495	-14.725	1.465
P2	0.022	-0.035	-0.013	-0.170	-0.420	0.047	-0.014	-0.025	0.940	0.185	73.878	18.723	16.476	0.832
P3	-0.055	-0.024	-0.008	-1.104	-0.497	-0.061	-0.022	-0.028	-0.311	-0.257	-43.493	3.805	-3.175	-5.636
P4	-0.061	0.001	0.009	-0.413	-0.072	-0.080	-0.004	0.003	-0.002	-0.210	-32.363	-7.284	-8.327	-1.352
P5	-0.057	-0.007	0.018	-1.795	-0.072	-0.074	-0.026	-0.020	-0.439	-0.352	-45.957	1.811	-7.163	-7.863
P6	-0.003	0.011	0.013	-0.373	0.160	0.001	0.002	-0.008	0.375	-0.052	-12.313	-0.582	-3.217	-1.700
P7	-0.104	-0.039	-0.014	-3.095	-0.922	-0.126	-0.062	-0.063	-1.270	-0.415	-71.147	4.523	-13.645	-15.551
P8	-0.123	-0.021	-0.002	-3.095	-0.729	-0.170	-0.052	-0.022	-0.730	-0.170	-29.347	-3.135	-15.763	-12.667
P9	0.038	-0.007	0.011	-0.251	-0.072	0.057	-0.015	-0.029	0.032	-0.115	-8.702	4.763	3.098	-0.037
P10	-0.034	0.020	0.015	-0.373	0.160	-0.044	0.025	-0.005	-0.996	-0.494	-52.244	-7.204	-6.665	0.610
Z1	0.056	0.007	0.015	1.097	0.378	0.081	0.010	0.017	-0.083	-0.222	-13.653	-11.699	-5.551	5.690
Z2	0.035	0.007	0.015	0.772	0.223	0.032	0.007	0.015	0.723	-0.530	-38.546	-26.936	-22.501	1.326
Z3	0.083	-0.007	0.023	1.165	0.657	0.105	-0.015	0.010	0.971	0.196	33.924	3.379	11.400	7.862
Z4	-0.026	-0.021	-0.010	-0.040	-0.125	-0.022	-0.006	0.002	-0.477	-0.490	-71.425	-22.229	-18.721	1.736
Z5	-0.048	-0.003	0.002	-1.706	-0.280	-0.089	-0.039	-0.018	-0.091	-0.372	-61.315	-14.571	-20.424	-8.990
Z6	-0.015	-0.018	-0.002	-1.097	-0.164	-0.037	-0.038	-0.007	-0.348	-0.395	-43.643	-9.066	-13.694	-6.494
Z7	-0.010	-0.009	0.012	-0.487	0.030	-0.012	-0.004	-0.005	0.149	-0.009	10.900	1.704	1.346	0.075
Z8	0.013	-0.017	-0.002	-1.422	-0.202	0.027	-0.028	-0.036	-0.802	-0.190	-45.088	-7.311	-10.952	-4.882
Z9	-0.024	-0.030	-0.008	-2.112	-0.357	-0.042	-0.077	-0.039	-1.256	-0.324	-64.798	1.783	-8.874	-9.342
Z10	-0.155	-0.057	-0.026	-4.184	-1.053	-0.205	-0.101	-0.063	-1.548	-0.356	-85.486	6.570	-17.184	-20.381
car	CM	DM	EM	PC	PM	CS	LS	ES	CP	DMP	PP	NS	PS	PCEM
Média	1.405	0.534	0.438	16.215	5.235	1.869	0.925	0.769	11.470	6.729	408.408	98.678	81.640	82.204
Desv. P.	0.09117	0.04137	0.03534	2.932	0.82148	0.12009	0.06691	0.06504	1.39524	0.491	83.07697	18.0669	20.1597	14.3817

Estimativa dos ganhos genéticos directos

Os ganhos esperados após a selecção podem ser observados na *Tabela 6*, onde se optou também por apresentar as repetibilidades relativas às médias (\bar{R}) para uma melhor análise e compreensão dos ganhos. Como já foi referenciado, a proporção de selecção foi de 25%, o que corresponde às 10 melhores nas 40 árvores (i.é a nossa população).

Tabela 6 – Estimativas dos ganhos esperados e repetibilidades relativas às médias para as catorze características biométricas do Pinheiro manso. CM – comprimento do miolo; LM – largura do miolo; EM – Espessura do miolo; PM – peso do miolo; CS – comprimento da semente; LS – largura da semente; ES – espessura da semente; PC – peso da casca; CP – comprimento da pinha; DMP – diâmetro maior da pinha; PP – peso da pinha; NS – número de sementes por pinha; PS – peso das sementes por pinha; PCEM – peso de cem sementes

	CM	LM	EM	PM	CS	LS	ES
\bar{R}	0,8778	0,7760	0,6927	0,7733	0,8860	0,7961	0,7434
ΔG (%)	6,31	6,29	3,03	10,55	6,36	8,00	9,81
	PC	CP	DMP	PP	NS	PS	PCEM
\bar{R}	0,8123	0,8567	0,7890	0,8496	0,7977	0,8309	0,8216
ΔG (%)	20,85	14,09	7,32	26,70	11,59	24,14	19,49

Na comparação dos ganhos preditos para a selecção adoptada, tivemos o maior valor para o peso da pinha (PP) (26,7%), característica que juntamente com o peso do miolo (PM) são as características alvo (i.e. com maior importância económica). O peso do miolo teve um ganho de menor magnitude, mas mesmo assim, com significância relevante (10,6%). O menor ganho genético ocorreu para a característica espessura do miolo (EM). Aguiar (comunicação pessoal) sugere o valor de 5% para o ganho genético, como o valor a partir do qual se justifica investir no melhoramento genético para qualquer característica.

Conclusão

O comprimento da semente, seguido do comprimento do miolo, comprimento da pinha e peso da pinha, foram as características que apresentaram maiores repetibilidades. Contrariamente a espessura do miolo foi a que apresentou o valor mais baixo, o que implica a realização dum maior número de observações para a estimação mais rigorosa do valor genético de um indivíduo. Assim a realização de sete a oito medições repetidas por indivíduo mostraram ser suficiente para a maioria das características estudadas, com repetibilidades individuais oscilando entre valores moderados a baixos.

O peso do miolo, que se considera a característica mais importante do ponto de vista económico, teve um ganho genético esperado de 10,55%. Neste contexto, é importante referir o potencial uso de características facilmente observadas e mensuradas no terreno, como critério de selecção, para a obtenção de ganhos indirectos nas características com maior peso económico, quando associadas a correlações genéticas com magnitudes relevantes. Assim, este estudo destacou o comprimento da pinha como sendo a característica onde se deverá seleccionar com o objectivo imediato de se conseguir a maior valia comercial – o peso do miolo.

A população estudada indicou alto potencial para fins de melhoramento genético em relação a todas características avaliadas. Em particular, a Quinta de Sousa foi o local que apresentou diferenças significativas para todas as características e o que teve o maior número de árvores de valor genético superior à média da população, devendo ser aqui onde se devem

basear com mais intensidade futuros estudos (por exemplo, selecção e cruzamento de árvores-plus, para criar a geração seguinte da população a melhorar).

Estimativas de ganhos genéticos, associados aos valores das repetibilidades relativas às médias, correlações genéticas, de valores genéticos totais, critérios económicos e sociais entre outros, são informações poderosas na elaboração dos primeiros critérios de selecção, bem como no estabelecimento da estratégia de melhoramento a seguir para esta espécie.

Agradecimentos

À Prof. Maria Helena Almeida, Doutor João Costa e Silva e Engenheira Margarida d'Alpuim, pela orientação prestada aquando da elaboração do meu trabalho final de curso, no qual se baseou este trabalho.

À Doutora Isabel Carrasquinho pela revisão do manuscrito, bem como no apoio científico e constante incentivo pessoal.

Referências Bibliográficas

- BARREIRA, L. L., ALPUIM, M., 1988. Contribuição para um programa de melhoramento de Pinheiro Manso (*Pinus pinea* L.) para Actas do “Encontro sobre o Pinheiro manso”. Sociedade Portuguesa de Ciências Florestais. Alcácer do Sal, 25 e 26 de Novembro.
- CARDOSO, M. E LOBO, P., 2001. Delimitação de Pisos Bioclimáticos e Regiões de proveniência de Pinheiro Manso em Portugal, usando SIG. Silva Lusitana 2001, Vol. 9 (1):93-108.
- CARNEIRO, A.I.L.N., 2002. Avaliação da variabilidade e controlo genético de características biométricas das pinhas e da semente da *Pinus pinea* L. Relatório do Trabalho de Fim de Curso de Engenharia Florestal, Instituto Superior de Agronomia, Lisboa.
- DGF, 2001. Inventário Nacional Florestal. Portugal Continental. 3ª Revisão 1995-1998. Relatório Final.
- FALCONER, D. S., 1989. Introduction to Quantitative Genetics. 3rd edition. Ed. Longman Group Ltd.
- MONTGOMERY, D. C., 1976. Design and Analysis of Experiments. John Wiley & Sons, New York.
- SHAPIRO, S. S., WILK, M. B., 1965. Na analysis of variance test for normality (complete samples). Biometrika.