

INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGAÇÃO AGRÁRIA
ESTAÇÃO FLORESTAL NACIONAL

ESTUDO DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE ALGUMAS
CARACTERÍSTICAS JUVENIS EM DESCENDÊNCIAS MATERNAS
DE PINHEIRO BRAVO (*Pinus pinaster* AIT.)

Alexandre Paulo Mourão António de Aguiar

LISBOA 1989

INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGAÇÃO AGRARIA

ESTAÇÃO FLORESTAL NACIONAL

ESTUDO DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE ALGUMAS
CARACTERÍSTICAS JUVENIS EM DESCENDÊNCIAS MATERNAS
DE PINHEIRO BRAVO (*Pinus pinaster* AIT.)

Alexandre Paulo Mourão António de Aguiar

Trabalho apresentado como dissertação original
para efeitos de concurso à categoria de Investigador Auxiliar

Lisboa 1989

Grande parte do trabalho que constitui a presente dissertação está integrado na programação do I.N.I.A.

PIDDAC - "Programa de Produções Florestais" - 9/238.

Os cálculos estatísticos foram elaborados no Centro de Informática do Instituto Superior de Agronomia (CIISA) utilizando os programas GENSTAT e SPAD.

ÍNDICE	Pág.
RESUMO	
I. INTRODUÇÃO	1
II - CARACTERÍSTICAS DAS PINHAS E DAS SEMENTES	8
1. MATERIAL E MÉTODOS	8
2. RESULTADOS E DISCUSSÃO	13
2.1 Análise de variância e teste de DUNCAN.....	13
2.2 Análise de componentes principais	22
III - ESTUDO DAS PROGÊNIES EM VIVEIRO	37
1. MATERIAL E MÉTODOS	37
1.1 Análise estatística	40
2. RESULTADOS E DISCUSSÃO	45
IV - ESTUDO DAS PROGÊNIES NO LOCAL DEFINITIVO	56
1. MATERIAL E MÉTODOS	56
1.1 Caracterização sumária dos locais.....	57
1.2 Análise estatística	60
2. RESULTADOS E DISCUSSÃO	61
2.1 Seriação das famílias	71
2.2 Perspectivas futuras	73
V - CONCLUSÕES	75
REFERÊNCIAS	77
ANEXOS	81
AGRADECIMENTOS	

RESUMO

Faz-se o estudo de algumas características morfológicas das pinhas e sementes dos clones do pomar de Pinheiro bravo da Mata Nacional do Escaroupim, utilizando vários métodos de análise estatística, com especial ênfase para a análise em componentes principais.

O comportamento das descendências dos clones do referido pomar foi avaliado em fase de viveiro e em local definitivo. Todas as avaliações tiveram por base a metodologia da análise de variância, cuja decomposição permitiu estimar valores de heritabilidade para várias características.

Com base nos resultados obtidos para a variável altura ao 2º ano, num dos locais, fez-se a seriação das famílias e calculou-se o ganho genético que se obteria se seleccionássemos os 16 melhores progenitores, cujo valor de 17,3% é uma excelente perspectiva para a continuação do melhoramento genético da espécie.

ABSTRACT

Cones and seeds from the *Pinus pinaster* Escaroupim seed orchard clones have been studied on the basis of some morphological characteristics, through various statistical methods with special emphasis to principal component analyses.

Progenies behavior of the mentioned clonal seed orchard was appraised in nursery and definitive locals.

Analyses of variance has been the basic methodology for all the evaluations. The partition lead to variance components calculation, which values provided the basis for the calculus of several characteristics's heritabilities.

On the basis of the results of the plants's second year height in one of the locals of the progeny test, families ranking was made. The selection of the 16 best parent trees shall give a genetic gain of 17.3%, value which forwards excellent perspectives for the prosecution of the species genetic improvement.

I. INTRODUÇÃO

O aumento de produção de madeira constitui hoje um dos objectivos considerados prioritários pela Comunidade Europeia. Na verdade o volume de madeira fornecido pelas florestas da Comunidade fica muito aquém das necessidades dos Estados membros em produtos lenhosos, de tal modo que as importações líquidas atingiram em 1984 um valor aproximado de 17 000 milhões de ECU's. De acordo com previsões elaboradas àquela data, a entrada de Portugal e Espanha nas comunidades não iria alterar significativamente este considerável déficite comercial comunitário em madeira e produtos lenhosos (CEE, 1985).

Portugal, hoje membro da CEE, é contudo, um parceiro privilegiado neste sector pois é o único em que a produção destes produtos ultrapassa as necessidades internas (IPF, 1986), contribuindo deste modo para minimizar a situação de desequilíbrio.

Com o previsível aumento da área florestal, determinado pela futura arborização de terrenos incultos e áreas agrícolas marginais, assim como a florestação de áreas de uso agrícola observada no território de alguns parceiros europeus que implica a desejável redução de produtos agrícolas excedentários, tornar-se-á possível aumentar a produção de madeira e produtos lenhosos.

Dada a sua natureza de país florestal, será forte o contributo que Portugal poderá dar no aumento dessa produção mas, quanto a nós, o país reforçará ainda mais a sua posição se, para além de oferecer quantidade, apostar fundamentalmente

na qualidade, da qual obterá naturais benefícios económicos. Cabe aqui referir que a comunidade produz apenas o correspondente a 28% das suas necessidades em madeira de serração. Para o aumento da produção florestal, depositam os países da comunidade as maiores esperanças na investigação florestal especialmente no domínio da genética, mais do que em qualquer outro sector (CEE, 1985). Deve ser esta uma área de investimento a implementar por Portugal, de forma a que seja ultrapassada o mais rapidamente possível a distância que nos separa dos restantes países da comunidade.

Sendo o Pinheiro bravo, *Pinus pinaster* Ait., a espécie florestal mais representada no nosso país (44% da área florestal, cerca de 1.3 milhões de hectares) necessário se torna que sobre ele nos debruçemos com uma atenção especial, atendendo à repercussão económica e social que tem entre nós.

As produções da nossa floresta de Pinheiro bravo situam-se de um modo geral entre 3 e 12 m³/ha/ano, sendo este último valor obtido em estações de qualidade excepcional. No litoral as produções médias oscilam entre os 3.7 e os 5 m³/ha/ano, consoante a idade de corte e a classe de qualidade da estação (COSTA, 1986).

Daqui se infere que a produção média da nossa floresta de Pinheiro bravo é muito baixa e a qualidade final da árvore fica muito aquém do desejável, contribuindo para estes resultados uma má silvicultura, a ausência de gestão das matas ao longo da revolução e a falta de melhoramento genético.

Reconhecemos, contudo, que é difícil implementar uma política florestal evoluída no sector privado, onde existem cerca de 600 000 proprietários (I.P.F., 1986).

Exceptuando raros casos, só nas Matas do Estado se verificam práticas culturais de silvicultura adequada. Assim, a Mata Nacional de Leiria, apesar de ter contra si uma grande maioria de solos de baixa qualidade (pódzois com fraca

mineralização de matéria orgânica), tem a seu favor uma boa silvicultura, que lhe permite obter, por exemplo, numa estação de média qualidade Hdm (50=18 m) acréscimos médios anuais da ordem dos 6 m³/ha/ano (PÁSCOA, 1986). Mas se estes acréscimos não são brilhantes, já o mesmo se não pode dizer da qualidade final do produto, cuja madeira em pé atinge no mercado um valor muito elevado, o que não deixa de reflectir uma grande pressão de procura de madeira de qualidade de Pinheiro bravo.

É geralmente aceite que, o aumento de qualidade de produção lenhosa das nossas matas só se poderá conseguir pela aplicação de técnicas de silvicultura evoluídas, recorrendo simultaneamente ao melhoramento genético florestal para obter materiais de reprodução de qualidade.

Na prática, o melhoramento genético florestal, por si só, é um desperdício de tempo e dinheiro, se não for acompanhado por uma boa preparação do terreno, um bom controle de desbastes e fertilização adequada durante o tempo de revolução da espécie, só assim se conseguirá obter o máximo de rendimento de produção dos solos florestais. A utilização de uma boa silvicultura sem material genético melhorado terá apenas êxito de uma forma parcial, e vice-versa.

O melhoramento genético tem aspectos fundamentais que o tornam único em comparação com as técnicas culturais:

- O melhoramento genético é duradouro, enquanto que as técnicas culturais têm de ser repetidas várias vezes ao longo da rotação;
- as transformações obtidas através do melhoramento genético são transmissíveis à descendência, enquanto que as melhorias decorrentes da intervenção técnica não o são;
- o melhoramento genético dá a possibilidade de introduzir características novas, por vezes até revolucionárias.

Estes aspectos fundamentais e tão importantes têm levado quase todos os países a investir cada vez mais no melhoramento florestal. Como diz ZOBEL (1978), "a conclusão de várias análises económicas é que o melhoramento florestal é o melhor investimento possível de toda a empresa florestal."

Num pequeno estudo, CARLISLE e TEICH (1978) salientam também este facto, apresentando valores de taxas de rentabilidade dos investimentos feitos em programas de melhoramento genético florestal, tais como: 13.2% para o melhoramento de Choupos na Holanda e de 12 a 20% em programas de melhoramentos de pinheiros do sul dos Estados Unidos.

MEIDEN (1977), apresenta resultados sobre a rentabilidade do programa de melhoramento genético do Choupo na Holanda com números impressionantes: 45% de aumento de produção com a utilização de novos clones, o que teve como consequência uma valorização de 50% no preço final da madeira.

BUTCHER (1977), acerca do programa de melhoramento de Pinheiro bravo na Austrália, refere aumentos de 40% no número de árvores com boa forma do tronco, usando como termo de comparação árvores de testes de descendência e árvores provenientes de semente de rotina, tendo do mesmo modo sido quantificados acréscimos em volume de 3 m³/ha/ano.

Os programas de melhoramento florestal são fundamentais num país como o nosso, que tem de basear-se quase exclusivamente nos seus programas de plantação e produção de sementes para melhorar e aumentar a sua produção de madeira, como é o caso do Pinheiro bravo. Contudo, devemos sempre pesar a rentabilidade caso a caso, uma vez que o melhoramento genético é apenas uma das alternativas e é essencial demonstrar a sua rentabilidade e eficiência.

Sempre que as características a seleccionar sejam de forte componente ambiental é quase certo ser o melhoramento genético muito oneroso e pouco eficiente. Mas, em casos contrários, mostram várias experiências que o

melhoramento genético é a via mais eficaz e mais económica. Foi com esta perspectiva que o organismo de investigação florestal australiano (C.S.I.R.O), após os resultados dos ensaios de proveniência de Pinheiro bravo efectuados naquele país, onde a proveniência de Leiria teve o melhor comportamento, deu início em 1964 a um programa de selecção de árvores-plus na Mata Nacional de Leiria (HOPKINS, 1960; NICHOLLS *et al.*, 1963).

Com este objectivo foram seleccionados na Mata Nacional de Leiria, entre 1963 e 1965, oitenta e cinco fenótipos superiores (e ainda uma árvore da zona de abrigo) existentes nos estratos dominante e codominante. Esta selecção, que se encontra descrita com pormenor em várias publicações da época (PESSOA, 1965; PERRY e HOPKINS, 1967; ALPUIM, 1971), assentou nas seguintes características fenotípicas: Altura; diâmetro á altura do peito (DAP); forma do tronco; ^{do espiralado} grão espiralado; vigor e forma da copa.

Estas árvores foram seleccionadas utilizando um critério de selecção fenotípica de árvores-plus baseado num sistema de classificação numérica, que foi muito utilizado na década de 60 na Escócia, Suécia, Estados Unidos e França, neste último país com variantes (BOUVAREL, 1955; WRIGHT, 1963).

Das oitenta e seis árvores seleccionadas, sessenta estão reproduzidas clonalmente na Mata Nacional de Escaroupim. Num período compreendido entre 1970 e 1974 foi estabelecido um primeiro Pomar Clonal de Sementes com sessenta clones, cujos rametos foram distribuídos aleatoriamente, com restrições decorrentes da necessidade de evitar a vizinhança entre rametos do mesmo clone. A idade e o número de rametos de cada clone é variável. Entre 1975 e 1980 foi estabelecido de modo semelhante um segundo Pomar onde estão representados quarenta e nove clones dos sessenta que compõem o Pomar I.

Com a preocupação de dar sequência a este importante trabalho e tirar dele todos os seus potenciais dividendos (cuja grandeza está já comprovada por

1º Pomar
60

2º Pomar
49

→
→
→

resultados obtidos na Austrália com os referidos clones), temos vindo a realizar vários estudos sobre os pomares, que no seu conjunto, integram a presente tese e que obedecem a objectivos e a uma orgânica que seguidamente pormenorizaremos: Numa primeira fase caracterizamos a variabilidade inter-clonal nos Pomares do Escaroupim, relativamente a algumas características morfológicas das pinhas e sementes. que constituem o nosso material de base. Estudamos o modo como se agrupam os clones em classes, determinadas pelo conjunto destas características e, de igual modo, avaliamos como se altera a variabilidade genética dos Pomares do Escaroupim na hipótese de se efectuar qualquer tipo de calibragem nas pinhas e sementes. Estas últimas questões são abordadas de um modo pragmático, permitindo obter dados importantes para a gestão dos Pomares Clonais de Semente e informação de bastante utilidade, tanto na elaboração de algumas fases de determinados projectos como em investigação fundamental, e contribuindo para a acumulação de dados úteis para a pesquisa de testes precoces.

As árvores-plus seleccionadas, como população base de qualquer programa de melhoramento, são a expressão do património genético num determinado ambiente. Na expressão fenotípica estão confundidas estas duas componentes. A forma de as individualizar e quantificar passa pelo teste dos indivíduos em local o mais homogéneo possível, de modo que a componente ambiental fique minimizada, sendo então possível atribuir as diferenças de comportamento a causas genéticas.

Os testes de descendência são a forma usual de avaliação do valor genético dos indivíduos de uma população, no caso de se pretender reproduzi-los por via sexuada. Os testes de progénie permitem medir o grau de semelhança entre indivíduos aparentados e fornecem um meio de estimar a amplitude da variância aditiva.

Com este objectivo, as progénies dos pomares do Escaroupim foram instalados em viveiro e posteriormente no campo, em vários locais. Foram feitas então as seguintes estimativas: heritabilidade de algumas características das plântulas e da variável altura 8-9 meses após a sementeira.

Finalmente, instaladas as progénies nos locais definitivos, foram estimadas as componentes da variância e heritabilidade da componente altura, no primeiro e no segundo ano em cada local, e as componentes da variância numa análise envolvendo uma combinação dos três locais.

Mediante esta análise, aproximamo-nos, de um dos objectivos centrais deste estudo, que é a ordenação dos clones do pomar segundo os seus valores reprodutivos, relativamente à variável altura ao segundo ano após a plantação, seguida da selecção daqueles situados acima de determinado nível e a previsão do ganho genético assim possível de obter.

É evidente que se trata, por ora, de uma abordagem metodológica e prospectiva do problema, pois a selecção definitiva terá de basear-se em dados obtidos mais próximos da idade adulta das progénies (provavelmente oito a dez anos após a plantação). Porém, os resultados obtidos permitem desde já aferir métodos, confirmar a eficácia dos mesmos com padrões estrangeiros e introduzir correcções que, seguramente, conduzirão à obtenção de ganhos genéticos muito substanciais que se irão reflectir no rendimento dos nossos povoamentos de Pinheiro bravo, num futuro breve.

II- CARACTERÍSTICAS DAS PINHAS E DAS SEMENTES

I. MATERIAL E MÉTODOS

As pinhas dos pomares clonais de sementes, instalados na Mata Nacional do Escaroupim, constituem o material de base para este capítulo do nosso estudo.

Com base em estudos de floração feitos em anos anteriores (VARELA, 1986), estava previsto para a colheita de 1985 um ano de safra, a qual nos permitiu uma abundante colheita de pinhas. Como se sabe, um ano de safra permite naturalmente tirar proveito do maior número possível de combinações génicas, o que se torna desejável devido ao aumento da variabilidade genética a que está normalmente associada maior capacidade germinativa.

Nesse ano colheram-se as pinhas dos pomares do Escaroupim durante o mês de Fevereiro, com tempo sêco. Durante esta operação, as pinhas de cada rameto foram colocadas dentro de sacos de plástico convenientemente identificados. Posteriormente, colocaram-se em caixas e transferiram-se para uma estufa com ensombramento durante alguns dias, com o fim de perderem humidade. Procurou-se, deste modo, que todo o material de base ficasse nas mesmas condições.

Com fundamento em experiências anteriores (AGUIAR, 1986) calculou-se que trinta pinhas sãs por clone conteriam o número mínimo de sementes necessário para levar a bom termo o ensaio de descendência com uma razoável margem de segurança. Este número permitiu, de igual modo, uma amostragem forte para a elaboração deste capítulo do nosso estudo, contudo, foi o factor limitante, pois impediu a utilização de 14 clones no teste de progénie.

Tal como se pode observar no quadro II.1, os clones que têm um asterisco não se encontram representados no pomar II e, por consequência, possuem um número inferior de rametos e, naturalmente, menor produção de pinhas

QUADRO II.1 - Clones representados nos pomares (I e II) da Mata Nacional do Escaroupim. Os clones que apresentam asterístico não estão representados no pomar II. As notas A e B indicam os clones que foram excluídos do ensaio.

4* A	17	32	48	63* A
5	18	33 B	49	64* B
7	19	34	50	65 B
8	20	35 A	51	68
9	21* A	39	53 *	73
10	22	40	54	75* B
11	23	41	55 B	76
12	24	42* A	56	78
13	25	44* B	58	79
14	29	45	59	80
15	31	47* A	61	82

Os clones com as indicações A e B foram excluídos dos ensaios por não terem atingido o número mínimo de pinhas considerado necessário. Aqueles que estão representados com a letra A tiveram uma produção total de pinhas inferior a trinta. Os clones indicados no quadro anterior com a letra B apresentaram produção ligeiramente superior mas, devido ao número de pinhas atacadas por insectos, não atingiram o número requerido.

Cabe aqui referir que o ataque dos insectos predadores das pinhas nos pomares do Escaroupim, nomeadamente, *Pissodes validirostris* Gyll. (Coleóptero, *Curculionidae*) e *Dioryctria mendacella* Stgr. (Lepidóptero, *Phycitidae*) (ROQUES, 1983), não é de modo algum preocupante. Estes insectos perfuradores das pinhas são os mais vulgares em Portugal (FERREIRA, 1988).

Em termos globais, podemos considerar que o estado fitossanitário dos pomares é bom. Não se encontrou em 1985 qualquer outro predador das pinhas e o número destas que foram atacadas, numa estimativa grosseira sobre a produção total, está longe de atingir os 10%, número que é considerado muito bom (FERREIRA, 1989).

As trinta pinhas de cada clone foram pesadas e medidas em comprimento. Posteriormente, cada uma foi inserida num saco de rede devidamente identificado, permitindo deste modo um bom acondicionamento durante a fase da secagem e extracção do penisco.

A estufa utilizada nesta operação é constituída por uma estrutura metálica com cobertura de plástico (tipo PVC) rígido e transparente. Tem forma de capela e está revestida com rede, lateralmente e nos topos, facultando assim o arejamento em todas as direcções.

Pretendeu-se com este método evitar que a temperatura de secagem fosse superior a 50 °C, o que poderia determinar em certos casos a perda de capacidade germinativa por dissecação, principalmente se não se utiliza ventilação forçada com ar quente e húmido (WILLIAM, 1985; CHAPERON, 1986). Este método, relativamente à tradicional abertura das pinhas na eira, permite ainda evitar a absorção de excessos de humidade durante a noite, assim como as protege da chuva, fenómenos que podem inclusivamente implicar o fechamento irreversível de algumas pinhas (AGUIAR, 1986). Na prática isto traduz-se por uma contrariedade simultâneamente económica e genética, pois para além da perda de sementes, existe também a possibilidade de se perderem combinações génicas importantes.

Após a completa abertura das pinhas, o penisco extraído foi limpo de asas. As sementes de cada pinha foram então pesadas, contadas e acondicionadas em sacos de juta devidamente identificados, pendurados num lugar fresco e sêco, obtendo-se assim um saco por clone.

Mais tarde retirou-se de cada saco uma amostra de 50 sementes. Estas foram medidas na sua maior dimensão utilizando um paquímetro de precisão. Avaliou-se ainda o peso de mil sementes por clone seguindo o método aconselhado pelo ISTA (1985). Assim, contemplaram-se as seguintes características:

- Comprimento das pinhas (CPI)
- Peso das pinhas (PPI)
- Número de peniscos por pinha (NPE)
- Peso do penisco por pinha (PPE)
- Comprimento do penisco (CPE)

Estas características foram objecto de algumas análises estatísticas de forma a investigarmos a sua variação. / *por clone*

Na análise de variância utilizámos o modelo:

$$y_{ij} = \mu + A_i + \epsilon_{ij}$$

sendo: y_{ij} - cada uma das observações individuais
 μ - a média da população
 A_i - o efeito aleatório do clone de ordem i , ($i=1, \dots, 46$)
 ϵ_{ij} - o erro

com o qual contruímos uma ANOVA com a seguinte estrutura:

Origem de Variação	Soma dos Quadrados	Graus de Liberdade	Quadrado Médio	F Calculado
Clones	SQC	C-1	QM ₂	$\frac{QM_2}{QM_1}$
Erro	SQE	C(n-1)	QM ₁	
Total	SQT	Cn-1		

As médias de cada uma das características em cada clone foram sujeitas ao teste de DUNCAN, com o objectivo de analisarmos se existem diferenças significativas entre elas. Relativamente às médias calculou-se ainda o desvio padrão. Foi também avaliado o coeficiente de variação.

Utilizámos a análise em componentes principais (A.C.P.), com o objectivo fundamental de examinar como se agrupam os vários clones, considerando simultaneamente todas as características estudadas e, em consequência pesquisar o modo como se processaria a redução da variabilidade genética em função de qualquer tipo de calibragem que fosse efectuada nas pinhas e nas sementes. Esta análise permite também determinar relações entre as características estudadas, bem como procurar componentes mais influentes, de modo a reduzir a dimensão da variação e interpretar as componentes encontradas em termos físicos, biológicos e genéticos.

Utiliza-se para tal efeito, o escalonamento dos indivíduos ao longo dos eixos principais e a sua partição em classes (BOUROCHE e SAPORTA, 1982; HOPE, 1968).

A análise estatística foi feita considerando os 46 clones, os indivíduos, sendo as variáveis os valores médios das características morfológicas observadas em cada clone, tal como foi considerado anteriormente.

2- RESULTADOS E DISCUSSÃO

2.1 Análise de variância e teste de DUNCAN

O teste de FISHER permite-nos afirmar, com determinado nível de significância, se estamos perante populações significativamente diferentes, tendo por referência os valores das médias das características observadas.

QUADRO II.2 - Análise de variância para as variáveis comprimento das pinhas (CPI) (cm), peso das pinhas (PPI) (gr), peso do penisco por pinha (PPE) (gr), número de peniscos por pinha (NPE), comprimento do penisco (CPE) (mm).

Origem de Variação	Soma dos Quadrados	Graus de Liberdade	Quadrado Médio	F Calculado
CPI				
Clones	3393.988	45	75.422	42.646**
Erro	2359.278	1334	1.769	
Total	5753.266	1339		
		1372		
PPI				
Clones	1028145.0	45	22847.7	38.410**
Erro	793517.2	1334	594.8	
Total	1821662.3	1339		
		7		
PPE				
Clones	5177.407	45	115.053	35.610**
Erro	4310.077	1334	3.231	
Total	9487.484	1339		
		7		
NPE				
Clones	335801.5	45	7462.3	17.606**
Erro	565400.3	1334	423.8	
Total	901201.8	1379		
CPE				
Clones	469.7115	45	10.438	43.028**
Erro	546.7966	2254	0.2426	
Total	1016.5081	2299		

Nota: ** nível de significância de 0.01.

Os valores da variável aleatória F para as análises de variância que constam do quadro II.2 revelam diferenças altamente significativas para um nível de significância, $\alpha=0.01$, nas médias dos clones para as características consideradas.

Se pretendermos analisar melhor o comportamento inter clonal no que diz respeito às mesmas características teremos de nos socorrer de outros testes tais como, por exemplo, o teste de DUNCAN, como já referimos.

O coeficiente de variação, sendo independente da unidade de medida, permite testar até que ponto uma amostra biológica é mais variável para uma característica do que para outra.

Por sua vez, o teste de DUNCAN permite, para um determinado grau de significância, testar as médias dos vários clones para cada uma das características (quadros II.3 a II.7). Na sua representação gráfica, as médias unidas por um traço não diferem significativamente, sob o ponto de vista estatístico, para as condições em que o teste foi realizado.

Vejamos, relativamente a cada uma das características, os resultados da análise:

- Comprimento das pinhas (CPI)

Os clones cujas médias têm os valores mais elevados diferem significativamente das outras médias da população. Idêntica observação se pode fazer relativamente aos clones cujas médias têm valores mais baixos (quadro II.3).

O coeficiente de variação calculado a partir do desvio padrão das observações individuais e da grande média tem o valor de 9.3%.

ANCILLOTTI e GIANNINI, (1974) estimaram um coeficiente de variação de 12,88% para o comprimento da pinha de várias proveniências italianas de

QUADRO II.3 - Significância das diferenças das médias da variável **Comprimento das pinhas** segundo o teste de DUNCAN ($\alpha=0.05$). Desvios padrões, coeficiente de variação e média geral

Clone nº	Desvio Padrão	Média (cm)
49	0.65	10.69
54	0.82	11.49
79	1.06	11.61
34	1.43	12.24
39	1.16	12.36
13	0.86	12.52
31	0.61	12.56
82	0.88	12.61
68	0.80	12.76
51	1.31	12.97
8	1.01	13.12
15	1.32	13.17
12	1.52	13.25
7	1.03	13.30
9	0.78	13.31
5	1.01	13.31
32	1.09	13.36
78	1.51	13.57
53	0.86	13.72
22	1.67	13.99
29	1.85	14.01
41	0.73	14.09
80	1.81	14.25
23	1.51	14.40
58	1.33	14.50
24	1.64	14.55
10	1.38	14.60
50	1.64	14.78
17	1.73	14.87
76	1.34	14.90
25	0.89	14.97
81	1.65	15.03
56	1.26	15.04
14	1.39	15.08
61	1.66	15.30
11	1.16	15.30
45	1.60	15.39
73	1.15	15.60
30	1.24	15.67
46	1.64	15.71
16	1.84	16.07
18	1.35	16.13
20	1.10	16.17
19	1.60	16.48
48	1.38	17.56
59	1.70	18.54

Média	(\bar{x})	=	14.24
Desvio Padrão	(s)	=	1.33
Coeficiente de Variação	$\frac{s*100}{\bar{x}}$	=	9.3%

Pinheiro bravo. Os mesmos autores, calcularam os desvios padrões para esta característica, tendo por base as pinhas da mesma árvore, o que naturalmente lhes permitiu obter valores muito baixos que não podem servir como termo de comparação.

- Peso das pinhas (PPI)

Tal como se pode observar no quadro II.4, verifica-se que os clones quase se individualizam relativamente ao peso das pinhas. Por exemplo, é possível individualizar os clones 49, 54, 68, 39, 20, 48, 59 e 18, pois as suas médias diferem significativamente entre si e do conjunto da população.

O valor médio calculado para esta variável foi de 134.90 g, sendo o valor máximo de 233.67 g e o mínimo de 76.33 g. Este valor representa sensivelmente um terço do valor máximo calculado, o que demonstra uma grande variabilidade nos clones do pomar relativamente a esta variável, confirmada pelo coeficiente de variação (18.1%).

- Número de peniscos por pinha (NPE)

Embora se verifique uma certa variação na população, como se constata pelo coeficiente de variação (15.7%), esta não é tão elevada como para a característica anterior. Apesar disso, pela representação gráfica podemos verificar que, tal como para a variável anterior, consegue-se quase individualizar os diferentes clones, especialmente aqueles cujo número de peniscos é respectivamente mais reduzido e mais elevado (quadro II.5). O valor médio do número de peniscos por pinha é de 131.27, sendo o valor mínimo de 100.27 e o valor máximo de 167.33.

QUADRO II.4 - Significância das diferenças das médias da variável **Peso das pinhas** segundo o teste de DUNCAN ($\alpha=0.05$) Desvios padrões, coeficiente de variação e média geral

Clone nº	Desvio Padrão	Média (gr)
49	9.86	76.33
54	13.49	97.23
68	10.34	100.70
39	19.12	103.15
79	24.40	106.65
13	15.08	107.98
9	24.24	110.03
34	27.89	111.42
41	11.75	111.93
82	16.84	113.08
31	10.27	116.18
24	31.59	117.08
8	17.75	117.62
51	24.03	118.27
32	18.97	120.02
12	19.87	121.43
23	28.92	123.88
10	17.80	125.28
29	26.96	125.67
15	18.85	127.12
80	26.72	127.55
22	26.49	129.70
58	20.12	130.73
7	29.65	132.50
14	25.33	132.83
25	18.34	133.88
76	28.24	136.67
78	29.38	137.27
50	30.38	137.48
45	21.97	138.75
30	24.30	140.38
18	28.54	142.73
5	22.58	145.55
53	20.67	146.27
61	28.64	151.72
73	20.87	152.98
56	22.48	153.35
16	30.31	154.67
46	27.41	156.57
17	38.45	166.12
81	38.31	166.18
11	22.65	167.52
19	18.90	168.55
20	19.96	171.20
48	33.90	213.30
59	33.68	223.67

Média	(\bar{x})	=	134.90
Desvio Padrão	(s)	=	24.39
Coeficiente de Variação	$\frac{s*100}{\bar{x}}$	=	18.1%

QUADRO II.5 - Significância das diferenças das médias da variável. Número de peniscos por pinha segundo o teste de DUNCAN ($\alpha=0.05$)
Desvios padrões, coeficiente de variação e média geral

Clone nº	Desvio Padrão	Média
49	11.72	100.27
82	10.42	102.67
15	24.32	105.23
34	24.77	105.70
8	16.13	107.70
53	14.44	112.67
78	16.24	112.93
51	30.18	114.20
54	11.43	116.37
12	28.77	116.37
11	24.35	116.40
41	11.83	119.77
31	11.69	122.83
29	18.49	123.63
18	26.20	124.53
76	20.22	126.50
48	17.18	127.17
5	8.71	127.93
17	21.83	128.03
25	24.79	129.07
68	22.66	129.70
24	25.14	130.50
13	12.72	131.50
58	14.58	132.67
61	20.96	133.63
7	26.84	134.13
56	15.36	134.20
10	21.32	134.33
19	13.02	135.83
59	27.65	135.83
79	25.02	136.93
14	19.12	140.13
16	10.90	141.63
45	19.33	142.10
50	27.69	142.47
23	19.36	142.77
22	22.96	144.33
39	32.24	145.53
30	15.00	145.97
80	20.49	146.10
9	19.97	149.37
81	19.39	151.83
32	19.11	152.00
73	22.26	154.60
46	25.51	163.03
20	19.72	167.33
Média		$(\bar{x}) = 131.27$
Desvio Padrão		$(s) = 20.59$
Coeficiente de Variação	$\frac{s*100}{\bar{x}}$	$= 15.7\%$

- Peso do penisco por pinha (PPE)

Tal como nas outras características observadas, os valores extremos das médias dos clones são significativamente diferentes. Existe ainda uma separação de algum modo evidente entre os clones de médias superiores e inferiores à média geral que é de 9.103 g (quadro II.6). O valor mínimo calculado para o peso do penisco corresponde ao clone 49, com 4.15 g, o que representa um valor cerca de três vezes inferior ao do clone 20, com 13.81 g

O coeficiente de variação (19.7%) é o mais elevado de entre as variáveis em estudo. Uma explicação para estes resultados poderá estar relacionada com a percentagem não controlável de sementes vazias ocorrendo de forma variável nos diversos rametos do mesmo clone e até nas pinhas da mesma árvore.

- Comprimento do penisco

Comparando as médias dos diferentes clones relativamente ao comprimento do penisco, verifica-se que esta característica é menos variável do que todas as outras estudadas. O coeficiente de variação é de 5.6%. Analisando o quadro II.7, observa-se que apenas as duas médias mais baixas se destacam claramente do resto da população. O valor médio estimado para esta variável é de 8.79 mm, sendo o valor mínimo de 7.62 mm e o valor máximo de 9.67 mm.

QUADRO II.6 - Significância das diferenças das médias da variável **Peso do penisco por pinha** segundo o teste de DUNCAN ($\alpha=0.05$)
Desvios padrões, coeficiente de variação e média geral

Clone nº	Desvio Padrão	Média (gr)
49	0.65	4.15
82	0.76	6.57
34	1.74	6.71
13	0.88	6.72
54	0.97	6.81
24	1.75	6.83
12	1.66	6.93
8	1.25	6.93
68	1.29	7.40
15	1.73	7.56
31	0.71	7.58
58	1.28	7.60
53	1.07	7.67
11	2.12	7.87
51	2.47	8.16
5	1.07	8.17
79	1.77	8.22
76	2.22	8.32
10	1.41	8.35
23	1.53	8.37
9	1.35	8.66
14	1.67	8.79
78	1.67	8.90
39	2.44	9.32
29	2.28	9.55
50	2.11	9.64
22	2.08	9.70
25	2.52	9.76
45	1.50	9.78
80	2.13	9.87
30	1.51	10.02
17	1.97	10.25
61	1.88	10.29
18	2.66	10.32
32	1.57	10.51
7	2.76	10.64
19	1.14	10.59
46	2.03	11.24
48	1.95	11.34
81	2.43	11.42
56	1.63	11.71
16	2.23	11.79
59	2.73	12.62
73	1.71	12.24
20	1.53	13.81

Média	(\bar{x})	=	9.10
Desvio Padrão	(s)	=	1.79
Coeficiente de Variação	$\frac{s*100}{\bar{x}}$	=	19.7%

QUADRO II.7 - Significância das diferenças das médias da variável **Comprimento do penisco** segundo o teste de DUNCAN ($\alpha=0.05$) Desvios padrões, coeficiente de variação e média geral

Clone nº	Desvio Padrão	Média (mm)
13	0.29	7.62
49	0.39	7.71
23	0.39	8.13
24	0.63	8.15
39	0.38	8.18
14	0.32	8.18
50	0.36	8.25
53	0.36	8.34
54	0.46	8.37
80	0.38	8.40
79	0.35	8.41
82	0.55	8.45
58	0.69	8.46
68	0.56	8.50
9	0.36	8.52
5	0.45	8.63
51	0.47	8.72
15	0.54	8.73
81	0.52	8.82
8	0.45	8.83
30	0.41	8.88
12	0.55	8.89
7	0.42	8.93
78	0.46	8.93
11	0.38	8.93
31	0.42	8.95
10	0.36	9.00
22	0.49	9.01
73	0.60	9.01
25	0.66	9.02
34	0.53	9.03
61	0.46	9.04
29	0.49	9.04
45	0.40	9.05
76	0.54	9.10
56	0.44	9.11
32	0.91	9.14
17	0.38	9.15
41	0.44	9.18
48	0.41	9.21
20	0.40	9.43
46	0.56	9.33
19	0.57	9.39
16	0.71	9.43
18	0.50	9.44
59	0.40	9.67

Média	(\bar{x})	=	8.79
Desvio Padrão	(s)	=	0.49
Coeficiente de Variação	$\frac{s*100}{\bar{x}}$	=	5.6%

2.2 Análise de componentes principais

Nesta análise estatística utilizámos o programa SPAD - "Système portable pour L-Analyse des Données" (LEBART *et al.* 1985). Os quadros seguintes correspondem a adaptações de listagens do próprio programa, indispensáveis para a compreensão e interpretação dos resultados. No quadro II.8 vêm indicados os parâmetros que caracterizam as variáveis, ou seja, os valores médios obtidos e os respectivos desvios padrões, assim como os valores mínimos e máximos observados, representando assim um resumo de algumas estimativas já apresentadas. De realçar que todos os valores mínimos aqui indicados pertencem ao clone 49 e os valores máximos aos clones 59 (comprimento das pinhas, peso das pinhas e comprimento do penisco) e 20 (número de peniscos por pinha e peso do penisco por pinha).

Quadro II.8 - Características das variáveis Descrição sumária das variáveis em relação aos 46 clones

Variável	Média	Desvio padrão	Mínimo	Máximo
CPI (cm)	14.26	1.57	10.7	16.5
PPI (gr)	134.91	27.30	76.3	223.7
PPE (gr)	9.10	1.94	4.2	13.8
NPE	131.35	15.69	100.3	167.3
CPE(mm)	8.80	0.45	7.6	9.7

Na matriz de correlações (quadro II.9) verificamos que o **comprimento da pinha** está correlacionado de forma positiva com todas as outras variáveis, o que implica, em média, um incremento destas com o aumento de comprimento das pinhas.

Quadro II.9 - Matriz de Correlações das variáveis comprimento das pinhas (CPI), peso das pinhas (PPI), peso do penisco (PPE), número de peniscos (NPE) e comprimento do penisco (CPE).

	CPI	PPI	PPE	NPE	CPE
CPI	1.00	0.89	0.76	0.47	0.64
PPI	0.89	1.00	0.74	0.32	0.64
PPE	0.76	0.74	1.00	0.72	0.66
NPE	0.47	0.32	0.72	1.00	0.19
CPE	0.64	0.64	0.66	0.19	1.00

A variável número de peniscos apresenta correlações baixas com as outras variáveis e, particularmente com o comprimento do penisco.

É conhecido de outras experiências (SIEGFRIED, 1986; STRITOF, 1981) que na generalidade dos casos o número de sementes e o comprimento da semente aumentam proporcionalmente com o tamanho da pinha. O primeiro caso não é muito claro nas nossas observações, porque a correlação é muito baixa (0.47), o segundo está de acordo com os nossos resultados.

No histograma de valores próprios (quadro II.10) verificamos que o primeiro eixo explica grande parte da variabilidade (cerca de 70% da inércia total).

Quadro II.10 - Valores próprios e contribuições dos cinco eixos principais

Soma dos valores próprio 5.00000095

Histograma dos primeiros valores próprios

	Valor próprio	Percentagem	Percentagem acumulada	
1	3.48025584	69.61	69.61	*****
2	0.90600032	18.12	87.73	*****
3	0.41795287	8.36	96.08	*****
4	0.13488759	2.70	98.78	***
5	0.06090384	1.22	100.00	**

Os dois primeiros eixos no seu conjunto explicam cerca de 87% da variação total, permitindo assim trabalhar com bastante rigor utilizando apenas o plano de projecção principal formado por estes eixos.

Todas as variáveis contribuíram de forma positiva para a formação do primeiro eixo principal (quadro II.11).

Quadro II.11 - Coordenadas e contribuição das variáveis para a formação dos eixos

Nome	Desvio Padrão	Coordenadas				Contribuição Absoluta				Contribuição Relativa			
		F1	F2	F3	F4	F1	F2	F3	F4	F1	F2	F3	F4
CPI	1.568	0.92	-0.12	-0.27	0.23	0.49	-0.13	-0.42	0.64	0.92	-0.12	-0.27	0.23
PPI	27.302	0.89	-0.27	-0.32	-0.15	0.48	-0.28	-0.49	-0.42	0.89	-0.27	-0.32	-0.15
PPE	1.938	0.93	0.21	0.13	-0.21	0.50	0.22	0.21	-0.57	0.93	0.21	0.13	-0.21
NPE	15.687	0.62	0.77	0.07	0.09	0.33	0.81	0.11	0.23	0.62	0.77	0.07	0.09
CPE	0.451	0.77	-0.42	0.47	0.08	0.41	-0.45	0.73	0.22	0.77	-0.42	0.47	0.08

As variáveis mais importantes na construção da primeira componente principal são o PPE, CPI e PPI, com pesos muito semelhantes, embora as outras duas variáveis contribuam também de forma significativa. Assim sendo, o primeiro eixo deve ser considerado um eixo de variação global. Neste caso, o escalonamento dos indivíduos ao longo do eixo é bem definido, acontecendo que todos os clones que se posicionam mais à direita terão valores superiores à média, para todas as variáveis. Inversamente, os indivíduos situados à esquerda têm valores inferiores à média.

No quadro II.12 podemos verificar que os clones cujas coordenadas apresentam os valores mais baixos (clones 13, 49 e 54) se posicionam à esquerda do primeiro eixo (figura II 1) e em cima no ordenamento dos indivíduos segundo este eixo (quadro II.13).

Quadro II.12 - Coordenadas e contribuições dos indivíduos (clones), para a formação dos eixos.

Nome	Peso	Distorção	Coordenadas				Contribuições				Contribuições			
							Absolutas *100				Relativas			
			F1	F2	F3	F4	F1	F2	F3	F4	F1	F2	F3	F4
5	1.0	0.19	-0.26	-0.08	-0.15	-0.18	0.21	0.07	0.57	2.71	0.36	0.03	0.12	0.18
7	1.0	0.22	0.11	0.13	0.31	-0.31	0.04	0.20	2.52	7.70	0.05	0.08	0.43	0.43
8	1.0	0.89	-0.76	-0.55	0.12	0.04	1.79	3.64	0.40	0.15	0.64	0.34	0.02	0.00
9	1.0	0.59	-0.32	0.67	0.15	0.12	0.32	5.31	0.56	1.10	0.17	0.75	0.04	0.02
10	1.0	0.12	0.00	-0.03	0.16	0.29	0.00	0.01	0.68	6.95	0.00	0.01	0.22	0.74
11	1.0	0.66	0.17	-0.66	-0.39	0.06	0.09	5.18	4.05	0.29	0.05	0.66	0.24	0.01
12	1.0	0.56	-0.59	-0.40	0.14	0.12	1.10	1.93	0.50	1.24	0.62	0.29	0.03	0.03
13	1.0	2.10	-1.21	0.59	-0.54	-0.07	4.56	4.15	7.56	0.44	0.69	0.16	0.14	0.00
14	1.0	0.50	-0.10	0.44	-0.52	0.14	0.03	2.27	7.03	1.50	0.02	0.38	0.54	0.04
15	1.0	0.79	-0.66	-0.58	-0.01	-0.12	1.37	4.02	0.00	1.24	0.55	0.42	0.00	0.02
16	1.0	1.25	1.08	-0.06	0.24	0.06	3.65	0.05	1.47	0.25	0.94	0.00	0.05	0.00
17	1.0	0.44	0.55	-0.32	0.00	-0.16	0.94	1.26	0.00	2.13	0.69	0.24	0.00	0.06
18	1.0	0.82	0.66	-0.48	0.22	0.22	1.36	2.81	1.24	3.80	0.53	0.29	0.06	0.06
19	1.0	1.22	1.05	-0.32	-0.02	0.13	3.43	1.20	0.01	1.34	0.90	0.08	0.00	0.01
20	1.0	3.17	1.66	0.60	0.20	-0.20	8.61	4.29	1.00	1.86	0.87	0.11	0.01	0.01
22	1.0	0.21	0.20	0.27	0.29	0.05	0.13	0.86	2.24	0.16	0.20	0.34	0.41	0.01
23	1.0	0.61	-0.31	0.57	-0.41	0.13	0.30	3.84	4.42	1.42	0.16	0.53	0.28	0.03
24	1.0	0.78	-0.62	0.22	-0.48	0.34	1.21	0.56	5.96	9.23	0.50	0.06	0.29	0.15
25	1.0	0.12	0.24	-0.14	0.10	0.09	0.19	0.23	0.28	0.67	0.48	0.16	0.09	0.07
29	1.0	0.15	-0.03	-0.21	0.28	-0.04	0.00	0.54	1.99	0.13	0.01	0.31	0.53	0.01
30	1.0	0.51	0.56	0.36	-0.06	0.25	0.99	1.57	0.08	5.03	0.62	0.25	0.01	0.12
31	1.0	0.52	-0.57	-0.20	0.36	0.00	1.02	0.46	3.34	0.00	0.63	0.07	0.25	0.00
32	1.0	0.69	0.26	0.50	0.60	-0.03	0.22	2.98	3.94	0.05	0.10	0.36	0.52	0.00
34	1.0	1.38	-0.90	-0.63	0.41	-0.02	2.50	4.83	4.35	0.03	0.58	0.29	0.12	0.00
39	1.0	1.09	-0.60	0.82	0.08	-0.19	1.12	8.16	0.18	2.77	0.33	0.63	0.01	0.03
41	1.0	0.43	-0.24	-0.36	0.41	0.23	0.18	1.58	4.31	4.39	0.14	0.31	0.39	0.13
45	1.0	0.29	0.48	0.11	0.08	0.22	0.71	0.15	0.16	3.94	0.77	0.04	0.02	0.17
46	1.0	1.64	1.14	0.45	0.24	0.16	4.05	2.44	1.46	2.15	0.79	0.12	0.03	0.02
48	1.0	3.01	1.47	-0.65	-0.63	-0.15	6.76	5.05	10.47	1.93	0.72	0.14	0.13	0.01
49	1.0	5.17	-2.26	-0.10	-0.22	-0.04	15.96	0.11	1.22	0.11	0.99	0.00	0.01	0.00
50	1.0	0.43	0.05	0.49	-0.41	-0.03	0.01	2.88	4.46	0.07	0.01	0.56	0.40	0.00
51	1.0	0.49	-0.61	-0.29	0.13	-0.12	1.15	0.99	0.44	1.18	0.75	0.17	0.03	0.03
53	1.0	0.66	-0.52	-0.34	-0.48	-0.21	0.83	1.35	6.01	3.61	0.41	0.17	0.35	0.07
54	1.0	1.64	-1.26	0.00	0.16	-0.13	4.96	0.00	0.72	1.45	0.97	0.00	0.02	0.01
56	1.0	0.60	0.71	-0.05	0.12	-0.24	1.56	0.03	0.39	4.75	0.83	0.00	0.02	0.10
58	1.0	0.24	-0.29	0.11	-0.31	0.21	0.27	0.15	2.46	3.49	0.36	0.05	0.39	0.18
59	1.0	5.03	2.10	-0.67	-0.40	-0.07	13.76	5.43	4.13	0.41	0.88	0.09	0.03	0.00
61	1.0	0.30	0.54	-0.11	-0.02	-0.01	0.90	0.15	0.01	0.01	0.95	0.04	0.00	0.00
68	1.0	0.73	-0.80	0.22	0.15	0.12	2.02	0.56	0.55	1.15	0.89	0.06	0.03	0.02
73	1.0	1.47	1.07	0.50	0.10	-0.16	3.58	3.02	0.25	2.16	0.78	0.17	0.01	0.02
76	1.0	0.18	0.09	-0.32	0.07	0.24	0.03	1.22	0.14	4.71	0.05	0.57	0.03	0.33
78	1.0	0.33	-0.23	-0.48	0.09	-0.20	0.15	2.79	0.20	3.23	0.14	0.70	0.02	0.12
79	1.0	1.00	-0.80	0.48	0.24	-0.22	1.99	2.78	1.47	3.87	0.64	0.23	0.06	0.05
80	1.0	0.38	0.02	0.59	-0.15	-0.03	0.00	4.14	0.60	0.06	0.00	0.91	0.06	0.00
81	1.0	0.94	0.82	0.41	-0.15	-0.24	2.11	2.01	0.58	4.56	0.72	0.18	0.02	0.06
82	1.0	1.47	-1.11	-0.48	-0.09	-0.09	3.83	2.63	0.20	0.59	0.83	0.15	0.01	0.00

Quadro II.13 - Projecção dos pontos (variáveis e clones) sobre os eixos 1 e 2

	EIXO 1	EIXO 2
	49	59
	54	11
	13	48
	82	34
	34	15
	68	8
	79	18
	8	78
	15	82
	24	Comprimento médio do penisco..... CPE
	51	12
	39	41
	12	53
	31	17
	53	76
	9	19
	23	51
	58	Peso médio das pinhas..... PPI
	5	29
	41	31
	78	25
	14	Comprimento médio das pinhas..... CPI
	29	61
	10	49
	80	5
	50	16
	76	56
	7	10
	11	54
	22	45
	25	58
	32	7
	45	Peso médio do penisco por pinha..... PPE
	61	68
	17	24
	30	22
Numero médio de penisco por pinha.....	NPE	30
	18	81
	56	14
Comprimento médio do penisco.....	CPE	46
	81	79
Peso médio das pinhas.....	PPI	50
Comprimento médio das pinhas.....	CPI	32
Peso médio do penisco por pinha.....	PPE	73
	19	23
	73	80
	16	13
	46	20
	48	9
	20	Numero médio de penisco por pinha... NPE
	59	39

Estes clones têm valores médios bastante inferiores à média geral observada, para cada uma das variáveis em estudo. Por sua vez os clones 20, 48 e 59, cujas coordenadas apresentam os valores mais elevados, têm comportamento inverso.

O segundo eixo, cuja importância é quatro vezes menor, traduz essencialmente a oposição entre as variáveis **comprimento médio do penisco** por clone e **número médio de peniscos** por pinha, que é, sem dúvida a componente mais importante (as duas variáveis que não apresentam correlação).

Após termos estudado todas as classes apresentadas, optámos pela partição dos indivíduos em 5 classes, prerrogativa que nos é permitida nas etapas "tamis" e "semis" do programa SPAD (LEBART *et al*, 1985).

Esta participação permite-nos uma visualização mais elucidativa, no plano principal, do comportamento global dos 46 clones relativamente às variáveis (figura II.1).

Os quadros seguintes - II.14, II.15 e II.16 - permitem-nos analisar a inércia correspondente a cada uma das classes, o número de indivíduos que cada uma contém e as coordenadas do centro de gravidade de cada classe relativamente aos eixos principais. Por último representam-se os clones que compõem cada classe.

No quadro II.15 podemos verificar a oposição clara entre as classes 3 e 5 no, primeiro eixo, e entre as classes 2 e 1, no segundo eixo. Para uma discussão mais aprofundada da participação em classes dos vários clones, vamos considerar fundamentalmente os quadros II.17 e II.18. No primeiro vêm indicados as médias e desvios padrões para cada classe em relação a cada variável. O segundo permite caracterizar as várias classes em função das variáveis estudadas.

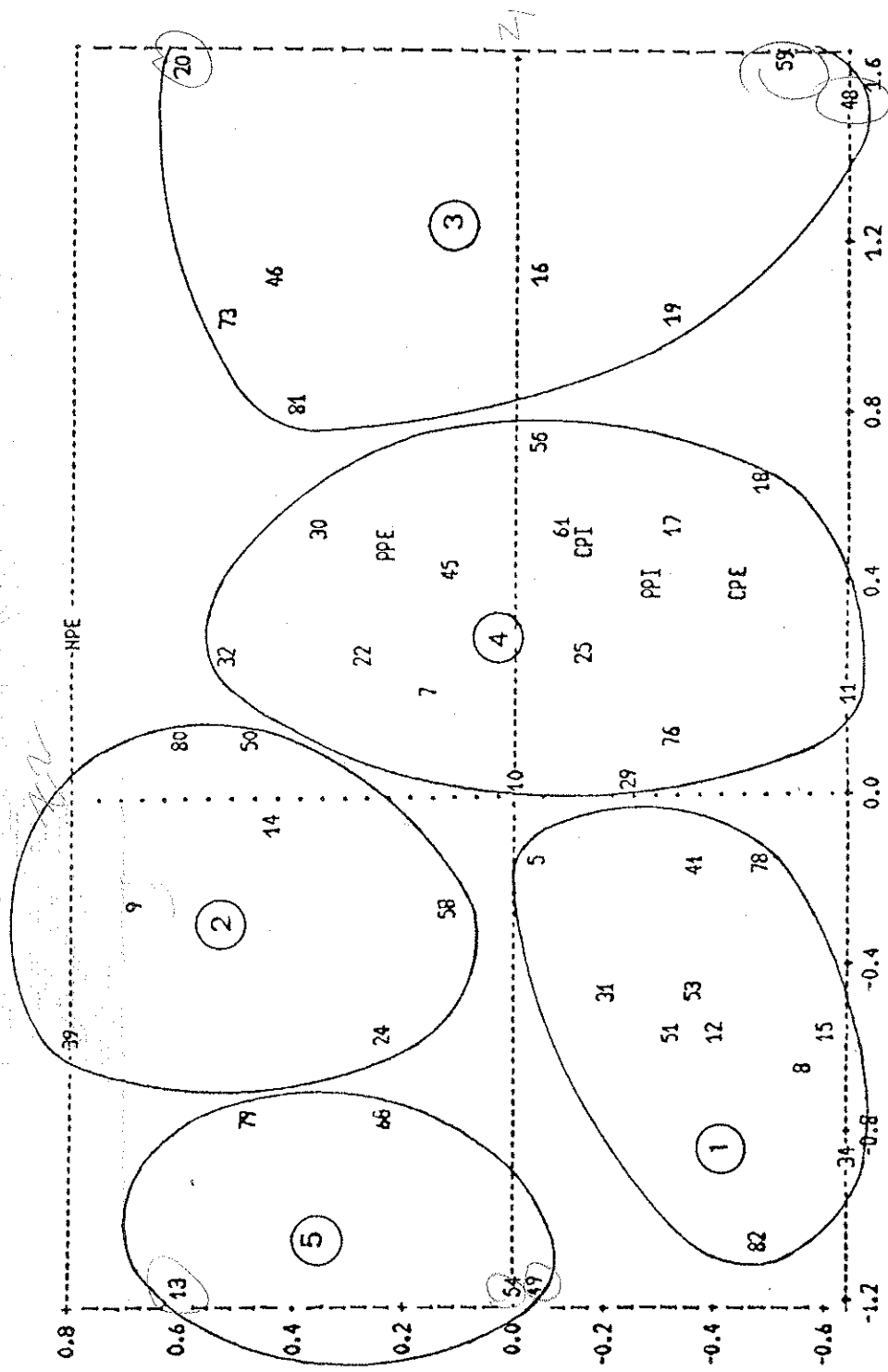


Figura II.1 - Representação gráfica no plano principal, do comportamento global dos 46 clones relativamente às variáveis e sua distribuição em cinco classes.

Quadro II.14 - Critério de decomposição da inércia sobre as 4 coordenadas

Inércia Inter-classes	I.Inter =	0.703780			
Inércias Intra-classes		Inércia	Efectivo	Peso	Distância
	Classe 1	0.042638	11	11	0.5098
	Classe 2	0.032011	8	8	0.3850
	Classe 3	0.087924	8	8	1.6934
	Classe 4	0.072068	14	14	0.1284
	Classe 5	0.049398	5	5	1.6674
Inércia Total	I.Total =	0.987819			
Quociente:	I.Inter / I.Total =	0.712458			

Quadro II.15 - Coordenadas do centro das classes dos indivíduos. Número de clones em cada classe

Coordenadas e Valores-testes para todas as modalidades											
Modalidades	Efectivo	Peso	Coordenadas				Valores-testes corrigidos				
1* =	11	11	-0.58	-0.40	0.08	-0.05	-2.36	-3.15	0.98	-1.01	
2* =	8	8	-0.27	0.49	-0.26	0.09	-0.90	3.15	-2.45	1.45	
3* =	8	8	1.30	0.03	-0.05	-0.05	4.29	0.21	-0.52	-0.91	
4* =	14	14	0.33	-0.07	0.13	0.04	1.55	-0.64	1.74	1.09	
5* =	5	5	-1.27	0.24	-0.04	-0.07	-3.18	1.17	-0.30	-0.88	

Quadro II.16 - Classificação dos indivíduos nas classes.

Classe 1 -	5	8	12	15	31	34	41	51	53	78	82
Classe 2 -	9	14	23	24	39	50	58	80			
Classe 3 -	16	19	20	46	48	59	73	81			
Classe 4 -	7	10	11	17	18	22	25	29	30	32	45
Classe 5 -	13	49	54	68	79						56 61 67

Tal como foi referido, os dois primeiros eixos representam cerca de 87% da inércia, deste modo, iremos resumir os dados utilizando apenas o plano principal assim definido.

Segundo o critério adoptado no programa da A.C.P. os valores das variáveis superiores a +2 e inferiores a -2 são os mais influentes na caracterização das respectivas classes (LEBART *et al*, 1985).

A classe 3 (quadro II.18) apresenta valores superiores à média geral para todas as variáveis em estudo. Estas contribuem todas com valor positivo para a formação da classe, sendo mais importantes o peso médio da pinha, o peso médio do penisco e o comprimento médio da pinha. Consequentemente a classe 3 dispõe-se no extremo direito do 1º eixo principal, uma vez que este define uma variação global, tal como já se salientou.

No quadro II.17 podemos concluir que todos os clones representados nesta classe têm valores mínimos superiores à média geral, com excepção da variável NPE, devido apenas ao clone 48.

Os desvios padrões das variáveis dentro das classes são dos mais elevados, tal como a inércia da classe, o que indica uma grande dispersão de valores, principalmente para as variáveis **peso das pinhas, comprimento das pinhas e número de peniscos por pinha.**

A classe 4 caracteriza-se igualmente por valores médios superiores à média geral em todas as variáveis, no entanto, os valores mínimos observados para a classe, são aqui inferiores à média geral, excepto para o **comprimento médio do penisco.**

De facto, é esta variável que melhor caracteriza esta classe e todos os indivíduos nela representados têm valores superiores à média geral calculada para o **comprimento do penisco.**

A inércia é aqui igualmente elevada, o que deixa perceber grande dispersão nos valores observados, principalmente nas variáveis PPE e CPI já que, relativamente ao **comprimento médio do penisco**, o desvio padrão obtido é o menor entre todas as classes em que esta variável dá contribuição importante.

Quadro II.17 - Médias, desvios padrões, valores máximos e mínimos para os 46 clones agrupados nas 5 classes, com a indicação do nº de clones representados em cada classe (peso).

Comprimento médio das pinhas (cm)					
	média	desvio-padrão	mínimo	máximo	peso
Total	14.25	1.56	10.7	18.5	46
Classe 1	13.15	0.52	12.2	14.1	11
Classe 2	14.18	0.83	12.4	15.1	8
Classe 3	16.40	1.07	15.0	18.5	8
Classe 4	14.78	0.80	13.3	16.1	14
Classe 5	11.82	0.75	10.7	12.8	5
Peso médio das pinhas (gr)					
Total	134.91	27.30	76.3	223.7	46
Classe 1	124.20	12.49	111.4	146.3	11
Classe 2	122.86	11.09	103.2	137.5	8
Classe 3	175.91	25.49	153.0	223.7	8
Classe 4	140.03	13.63	120.0	167.5	14
Classe 5	97.78	11.44	76.3	108.0	5
Peso médio do penisco por pinha (gr)					
Total	9.10	1.94	4.2	13.8	46
Classe 1	7.59	0.71	6.6	8.9	11
Classe 2	8.64	0.97	6.8	9.9	8
Classe 3	11.97	0.96	10.7	13.8	8
Classe 4	9.79	0.99	7.9	11.7	14
Classe 5	6.66	1.36	4.2	8.2	5
Nº médio do penisco por pinha					
Total	131.35	15.69	100.3	167.3	46
Classe 1	113.43	7.48	102.7	127.6	11
Classe 2	141.20	16.14	130.5	149.4	8
Classe 3	147.14	13.33	127.2	167.3	8
Classe 4	133.76	9.91	116.4	152.0	14
Classe 5	122.96	13.18	100.3	136.9	5
Comprimento médio do penisco (mm)					
Total	8.79	0.45	7.6	9.7	46
Classe 1	8.79	0.24	8.3	9.2	11
Classe 2	8.28	0.14	8.1	8.5	8
Classe 3	9.27	0.25	8.8	9.7	8
Classe 4	9.06	0.13	8.9	9.4	14
Classe 5	8.12	0.37	7.6	8.5	5

Quadro II.18 - Caracterização das classes com a indicação das variáveis mais importantes para a sua formação

	Critério (SPAD)	Média da Classe	Média Geral	Desvio Padrão da Classe	Desvio Padrão Geral
Classe 1 Peso = 0.04					
Nº médio de peniscos por pinha	-4.296	113.42	131.35	7.48	15.69
Peso médio do penisco por pinha	-2.932	7.59	9.10	0.71	1.94
Comprimento médio das pinhas	-2.617	13.15	14.25	0.52	1.57
Peso médio das pinhas	-1.475	124.20	134.91	12.48	27.30
Classe 2 Peso = 0.03					
Comprimento médio do penisco	-3.486	8.28	8.80	0.14	0.45
Nº médio de penisco por pinha	1.934	141.20	131.35	6.14	15.69
Peso médio das pinhas	-1.358	122.86	134.91	11.10	27.30
Classe 3 Peso = 0.09					
Peso médio das pinhas	4.623	175.91	134.91	25.49	27.30
Peso médio do penisco por pinha	4.555	11.97	9.10	0.96	1.94
Comprimento médio das pinhas	4.230	16.40	14.25	1.06	1.57
Comprimento médio do penisco	3.264	9.27	8.80	0.25	0.45
Nº médio de penisco por pinha	3.099	147.14	131.35	13.33	15.69
Classe 4 Peso = 0.07					
Comprimento médio do penisco	2.599	9.06	8.80	0.13	0.45
Peso médio do penisco por pinha	1.575	9.80	9.10	0.99	1.94
Comprimento médio das pinhas	1.508	14.78	14.25	0.80	1.57
Classe 5 Peso = 0.05					
Comprimento médio das pinhas	-3.625	11.82	14.25	0.75	1.57
Comprimento médio do penisco	-3.489	8.12	8.80	0.37	0.45
Peso médio das pinhas	-3.186	97.78	134.91	11.44	27.30
Peso médio do penisco por pinha	-2.957	6.66	9.10	1.36	1.94

A classe 5 opõe-se claramente às classes 3 e 4, embora de forma mais acentuada à classe 3. Ao analisarmos as coordenadas dos respectivos centros de classe, relativamente ao 1º eixo, é evidente esta oposição (quadro II.15).

A classe 5 é caracterizada de forma negativa pelas variáveis CPI, CPE, PPI e PPE, de facto, os valores máximos para estas variáveis observadas em todos os clones que constituem a classe, são claramente inferiores à média geral, e os

respectivos valores mínimos são os menores que foram observados em todas as variáveis.

Segundo o critério adoptado, esta classe é melhor caracterizada pelo comprimento médio da pinha e pelo comprimento médio do penisco, embora de modo negativo. Isto mesmo é facilmente confirmado, uma vez que todos os clones aqui representados têm pinhas e peniscos muito pequenos.

A inércia da classe é relativamente alta, devido principalmente aos elevados desvios padrões observados nas variáveis CPE e PPE.

As classes 1 e 2 são caracterizadas de modo negativo. A primeira pela variável NPE e a segunda pela variável CPE. Estas duas variáveis são as componentes principais do 2º eixo e estão em oposição, no entanto, o número médio de peniscos é bastante mais importante.

A classe 2 é também caracterizada pelo **número médio de peniscos por pinha** (valor muito próximo do critério adoptado para o programa) mas aqui de modo positivo, isto é, a média da classe é superior à média geral no que concerne a esta variável. Não sendo uma classe constituída por clones com pinhas grandes (ligeiramente abaixo da média geral) é, curiosamente, a 2ª classe de valor médio mais elevado para a variável NPE.

O desvio padrão observado para o número médio de peniscos é na classe 2 o menor entre todas as classes, esta aliás, apresenta desvios padrões baixos, assim, a inércia da classe é a menor entre todas as que foram estimadas (quadro II.14).

A classe 1, além do **número médio de peniscos**, é também caracterizada pelo **peso médio da semente** e pelo **comprimento médio da pinha** todos com sinal negativo, assim as médias da classe para estas variáveis são bastante mais baixas que a média geral. Os desvios padrões observados na classe são os menores, entre todas as classes, nas variáveis PPE e API. Já relativamente à

variável PPI a dispersão é muito elevada, não obstante o fraco contributo desta variável para a formação da classe.

Podemos afirmar, em resumo, que os clones que pertencem às classes 3 e 4 possuem as maiores pinhas e valores superiores à média para todas as outras variáveis. Em oposição, as classes 1 e 5 são constituídas por clones de pinhas pequenas e valores inferiores à média para as outras variáveis, (quadro II.19).

Estes resultados estão de acordo com os trabalhos de SIEGFRIED (1986) e STRITOF (1981) e confirmam o que temos observado na prática. Tal como se disse, de um modo geral, o número de peniscos e o comprimento da semente aumentam proporcionalmente ao comprimento da pinha, no entanto, o comportamento dos clones que integram a classe 2 levanta algumas objecções.

Quadro II.19 - Relação entre as variáveis **comprimento médio das pinhas, comprimento médio do penisco e número médio de peniscos por pinha** com as classes obtidas e o número de clones que estas contêm

Pinhas e Peniscos de pequenas dimensões	Pinhas médias e peniscos de pequenas dimensões	Pinhas e Peniscos de grandes dimensões
Pequeno nº de peniscos	Grande nº de peniscos	Grande nº de peniscos
Classes - Nº de clones 1 e 5 16	Classe - Nº de clones 2 8	Classes - Nº de clones 3 e 4 22

Embora sendo clones que possuem pinhas cujo comprimento é ligeiramente inferior à média geral, e peniscos muito pequenos, verifica-se que o número médio de peniscos por pinha está bastante acima da média. Aliás, a expressão desta variável indica ainda que os seus valores mínimos são os mais

elevados entre todas as classes, situando-se muito próximos dos valores observados para a média geral.

Donde se conclui que para as populações em estudo 17% dos clones não seguem a tendência geral do paralelismo entre o comprimento e o número de peniscos por pinha.

No entanto, creio que seria importante analisar no futuro estes resultados, nomeadamente em conjunto com os estudos fenológicos que decorrem nos Pomares do Escaroupim, de modo a tirar ilações mais concretas, uma vez que a formação do penisco está intimamente ligada ao "tamanho efectivo" da população e à sincronização floral (SARVAS, 1962; KOSKI, 1970; BHUMIBHAMONS, 1978).

Pensamos que a abordagem dos problemas na perspectiva da investigação fundamental não deve prejudicar a visão dos aspectos práticos e concretos dos mesmos. Para além das questões inerentes à gestão cuidadosa dos Pomares do Escaroupim, um dos pontos importantes deste estudo é dar um contributo para clarificar alguns aspectos pragmáticos ligados à colheita e manuseamento das pinhas.

De um modo geral, é frequente ouvir dizer em alguns meios florestais que se deve colher semente principalmente em árvores com pinhas grandes, baseando esta afirmação em que estas contêm mais e melhor penisco, do qual resultam melhores árvores.

Os resultados desta linha de trabalho permitem-nos opôr algumas reservas a esta afirmação:

- 1º - Colhendo as maiores pinhas, nem sempre o número de peniscos é substancialmente maior relativamente a pinhas mais pequenas, tal como vimos. Porque este número está estreitamente ligado às condições de polinização e, naturalmente, ao número efectivo da população, como foi atrás referido.

2º - Tratando-se de povoamentos, ao colhermos só pinhas grandes podemos estar a fazer uma selecção negativa, se as árvores forem fenotipicamente desaconselhadas. E estamos de certeza a reduzir a variabilidade genética.

Embora em condições diversas, nos pomares do Escaroupim a variabilidade genética diminuiria 52% se por mera hipótese académica fossem seleccionadas apenas pinhas grandes.

3º - Relativamente à descendência nada se pode afirmar, a não ser um certo efeito maternal positivo em idades muito jovens, que geralmente se verifica nas Pináceas. (ALAZARD, 1982; SIEGFRIED, 1986).

Admitindo que os povoamentos produtores de semente têm um padrão de comportamento semelhante (o que só pode ser confirmado com estudos adequados), julgamos que é errado qualquer tipo de calibragem, seja esta efectuada nas pinhas ou nas sementes, pelas implicações acima referidas. Além do mais, este tipo de actuação é uma prática de consequências genéticas perigosas, pois conduz à selecção genética de progenitores feita por características que até podem ser contrárias ao melhoramento florestal pretendido para a espécie. CAMPBELL e SORENSEN (1984) têm-se pronunciado no mesmo sentido relativamente a outras essências florestais.

A mecanização dos trabalhos de viveiro tem por fim minimizar os custos de produção de plantas. Em muitos países os esforços feitos neste sentido conduzem invariavelmente à calibragem das sementes e das plantas, diminuindo ainda mais a variabilidade genética e acarretando implicações graves. Isto mesmo tem sido também referido relativamente à *Picea abies* (LANG, 1988).

III - ESTUDO DAS PROGÊNIES EM VIVEIRO

1. MATERIAL E MÉTODOS

As sementes produzidas pelos clones anteriormente indicados (quadro II.1) constituem o material genético de que dispomos para o estudo das respectivas progênies. A este material foram adicionados quatro lotes de semente de tipo corrente obtidos na Mata Nacional de Leiria com o objectivo de servirem como testemunhas destinadas a avaliar o ganho genético relativamente à selecção massal das árvores plus.

Na produção de plantas foi decidido utilizar os viveiros do Engenho, na Marinha Grande e os da Mata Nacional do Escaroupim. Esta decisão foi tomada fundamentalmente pelas seguintes razões:

- facilidade de transporte das plantas, devido à proximidade dos locais definitivos, terminada a estadia em viveiro;
- problemas económicos e de ordem fisiológica que a escolha de um só viveiro causaria, devido ao transporte das plantas e ao período que necessariamente mediará entre o transporte e a plantação.

Por outro lado, ambos os viveiros têm pessoal permanente e espaço disponível, factor importante para o acompanhamento dos trabalhos de forma equilibrada e com segurança. Com a escolha dos viveiros o mais próximo possível dos locais definitivos proporcionaram-se condições de transplantação semelhantes aos três ensaios.

Contando com as perdas habituais no número de plantas obtido em viveiro, relativamente ao número de sementes utilizadas na sementeira, em média 50% (AGUIAR, 1986), estimou-se a quantidade de semente necessária para obter

230 plantas por família e para cada testemunha, para levar a bom termo o ensaio de descendência, na sua fase de campo e nos três locais previstos.

O delineamento experimental estudado para os locais definitivos determinava que seriam necessárias 64 plantas por cada lote de semente, em cada local. Pareceu-nos prudente contar com um número bastante superior ao necessário, prevenindo inevitáveis retanchas ou qualquer outro acidente.

Projectámos então uma disposição em viveiro simples e eficaz, utilizando blocos casualizados completos com quatro repetições. Em cada repetição foram utilizadas 125 sementes de cada lote, anteriormente sujeitas a tratamento de pré-refrigeração (estratificação da semente em meio húmido durante 28 dias com temperaturas entre 3-5 °C.) (ISTA, 1985).

A sementeira foi feita utilizando sacos de polietileno com dimensões normalmente usadas em Pinheiro bravo.

Nos dois locais os sacos foram cheios por métodos tradicionais e colocados na "cama" à razão de 19 a 20 sacos por linha. As "camas", embora sejam da mesma largura, têm no viveiro do Escaroupim um comprimento muito superior, o qual permitiu utilizar apenas um canteiro por cada bloco. No viveiro do Engenho foi necessário utilizar três canteiros por bloco.

Em Maio de 1986 foi feita a sementeira, sorteando em cada bloco as embalagens que continham a semente de cada clone e das quatro testemunhas.

Para a sementeira de cada lote foram utilizadas sete linhas em cada bloco, colocando uma semente em cada saco.

A separação entre as futuras famílias foi feita deixando uma linha por semear e recorrendo a etiquetas plásticas com a indicação do número do clone a que pertenciam as sementes.

Após a sementeira protejeram-se os canteiros do calor excessivo e dos pássaros, utizando ripados de madeira, no Engenho, e rede, no Escaroupim. No

primeiro caso utilizaram-se fetos secos para proteger os lados e os topos dos canteiros, no segundo caso a rede plástica cobria-os totalmente.

A germinação principiou decorridas três semanas após a sementeira. Quando as plântulas apresentavam os cotilédones bem individualizados e se iniciava o desenvolvimento da plúmula, foram colhidas casualmente oito plântulas de cada família em cada repetição, com o objectivo de se efectuarem algumas medições, de modo a caracterizar as famílias nesta fase. Em cada plântula efectuámos a medição da altura do hipocótilo e do maior cotilédone e contamos o número de cotilédones. A altura do hipocótilo foi medida em cada plântula utilizando uma régua vulgar, medindo toda a extensão de cor avermelhada que o hipocótilo apresenta, determinada pela presença de uma antocianina (MIROV, 1967). Estas medições foram destrutivas, devido à dificuldade em determinar claramente onde começa o hipocótilo ao nível do solo, do mesmo modo que seria difícil medir o comprimento do maior cotilédone sem danificar as plântulas.

O aparecimento de "damping-off" foi a única perturbação verificada nesta fase do ensaio. Espalhado uniformemente numa percentagem diminuta e ocorrendo sem incidência especial sobre alguma família, verificou-se de igual modo nos dois viveiros. Mais tarde registou-se uma percentagem igualmente reduzida de pequenos pinheiros que secaram por causas que não foi possível determinar, também neste caso não se notou qualquer incidência nalguma família em particular.

Em Fevereiro de 1987 (nove meses após a sementeira) foram efectuadas medições de altura nas plantas, poucos dias antes da sua plantação em local definitivo. Nesta operação foram utilizadas régua vulgares, às quais foram ligadas no início da escala pequenos apoios feitos em PVC que, com as devidas correcções, nos permitiram medir comodamente as plantas nos canteiros e diminuir os erros de leitura.

Foram desprezadas as plantas da bordadura dos canteiros e mediram-se casualmente, de entre as restantes, cinco jovens pinheiros por família, em cada repetição. O modo de actuação foi igual em ambos os viveiros.

Finalmente, concluímos que o material vegetal obtido estava em perfeitas condições para a instalação de um teste de progénie, uma vez que o número de plantas à nossa disposição em cada família era em número suficiente, apresentavam vigor e estavam isentas de doenças.

1.1 Análise estatística

Tal como referimos na introdução, os testes de descendência são o modo habitual de avaliação do valor genético dos indivíduos de uma população, no caso de se pretender reproduzi-los por via sexuada. Estes testes permitem medir o grau de semelhança entre indivíduos aparentados, do qual decorrem métodos de estimar a variância aditiva.

Esta estimativa é obtida a partir da separação das componentes da variância calculada e na sua correspondência com o coeficiente de correlação intra-classe, (t):

$$t = \frac{\sigma_{\beta}^2}{\sigma_{\beta}^2 + \sigma_w^2}$$

Nesta equação, a variância dentro do grupo (intra-grupo) representa a variância dos valores individuais (σ_w^2) em relação à média do grupo.

A variância entre os grupos (inter-grupo) é a variância das médias dos grupos (σ_{β}^2) relativamente à média geral da população.

O caso particular com o qual iremos lidar ao longo deste estudo consiste em grupos de meios-irmãos, cada um representando a progénie de um indivíduo cruzado ao acaso com todos os restantes elementos da população.

Tal como é demonstrado por FALCONER (1981), o desvio médio do valor genotípico de um grupo de meios irmãos é por definição metade do valor reprodutivo do progenitor conhecido. A covariância entre meios-irmãos, ($COV(HS)$), é a variância das médias das famílias de meios-irmãos, sendo portanto, a variância de metade dos valores reprodutivos dos progenitores comuns

$$COV(HS) = V \frac{1}{2} A$$

sendo então

$$COV(HS) = \frac{1}{4} V_A$$

Isto é, a covariância entre meios-irmãos representa 1/4 da variância aditiva (V_A). Deste modo, o grau de semelhança entre meios-irmãos é expresso pelo coeficiente de correlação intra-classe, em função da covariância, sendo esta uma proporção da variância total (V_P)

$$t = \frac{1}{4} \frac{V_A}{V_P}$$

Do mesmo modo se estima a heritabilidade (h^2) de uma característica, em sentido restrito

$$t = \frac{1}{4} h^2$$

tal como é deduzido por FALCONER (1981).

A heritabilidade é definida pela razão entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica:

$$h^2 = \frac{V_A}{V_P}$$

A variância dos valores reprodutivos (V_A) é a componente genética mais importante, porque traduz a semelhança entre indivíduos aparentados e é a única

componente da variância que, neste caso, se pode obter por observação directa da população.

Se considerarmos a variância fenotípica total

$$V_P = V_G + V_E$$

e a variância genotípica

$$V_G = V_A + V_{NA}$$

então, será ainda, segundo (FALCONER, 1981)

$$V_P = V_A + V_E$$

considerando-se a parte não aditiva da variância genética englobada na variância devida ao meio.

A heritabilidade, fazendo intervir duas componentes da variância, a variância aditiva e a variância devido ao meio, é não só uma propriedade de determinada característica, mas também da população e do meio a partir do qual ela é calculada. É claro que as componentes genéticas, estando influenciadas pela frequência génica, podem diferir consoante as populações a que se referem. De modo semelhante, um aumento da variabilidade do meio irá fornecer um acréscimo da variância correspondente e, em consequência, uma diminuição da heritabilidade.

Nas análises de variância foi utilizado o modelo matemático de efeitos aleatórios (SOKAL, 1969), (WALPOLE E MYERS, 1978) com a seguinte estrutura:

$$y_{ijk} = \mu + A_i + B_j + (AB)_{ij} + \epsilon_{ijk}$$

Sendo:

- y_{ijk} = cada uma das observações individuais y_{ijk}
- μ = a média da população folha 45
- A_i = o efeito aleatório da família de ordem i , ($i = 1 \dots 46$) Bloco 3
- B_j = o efeito aleatório do bloco de ordem j , ($j = 1 \dots 4$), 45, 3, 4
em viveiro e ($j = 1 \dots 8$) em local definitivo
- $(AB)_{ij}$ = o efeito aleatório da família de ordem i no bloco de ordem j
- ϵ_{ijk} = o erro ordem 4

Os cálculos estatísticos apropriados para a estimativa da heritabilidade (h^2) baseiam-se no modelo de análise de variância clássico, no qual os quadrados médios obtidos são decompostos relativamente aos distintos factores causais (ZOBEL, 1984) tal como pode observar-se no quadro III.1.

QUADRO III.1 - Forma de análise de variância para um teste de progénie de meios-irmãos utilizando blocos casualizados completos

Origem de Variação	Soma dos Quadrados	Graus de Liberdade	Quadrado Médio	Quadrado Médio Esperado
Famílias	SQF	(f-1)	$\frac{SQF}{(f-1)}$	$\sigma_w^2 + n\sigma_{fb}^2 + nb\sigma_f^2$
Blocos	SQB	(b-1)	$\frac{SQB}{(b-1)}$	$\sigma_w^2 + n\sigma_{fb}^2 + nf\sigma_b^2$
Fam.* Bloc.	SQFB	(f-1)(b-1)	$\frac{SQFB}{(f-1)(b-1)}$	$\sigma_w^2 + n\sigma_{fb}^2$
Residual	SQR	fb(n-1)	$\frac{SQR}{fb(n-1)}$	σ_w^2

σ_w^2 - residual, (plantas no interior do ("plot") utilizamos em índice (w) por ser comum na bibliografia, σ_{fb}^2 - variância devida a interação família*bloco, σ_b^2 - variância devida ao efeito dos blocos, σ_f^2 - variância devida às diferenças entre famílias, f - número de famílias, b - número de blocos, n - número de plantas de cada família por bloco.

Os cálculos da heritabilidade serão feitos do seguinte modo, segundo WRIGHT (1976) e ZOBEL (1984):

Y unidades experimentais plot

$$h^2 = \frac{4\sigma_f^2}{\sigma_w^2 + \sigma_{fb}^2 + \sigma_f^2}$$

$$h_f^2 = \frac{\sigma_f^2}{\frac{\sigma_w^2}{nb} + \frac{\sigma_{fb}^2}{b} + \sigma_f^2}$$

O modelo hierarquizado (SOKAL, 1969) utilizado para a análise de variância em multiplantações tem a seguinte estrutura:

$$y_{ijkl} = \mu + A_i + B_j + (AB)_{ij} + (BC)_{j,k} + (ABC)_{ij,k} + \varepsilon_{ijkl}$$

Sendo:	y_{ijkl}	= cada uma das observações individuais
	μ	= a média da população
	A_i	= o efeito aleatório da família de ordem i, (i = 1...46)
	B_j	= o efeito aleatório do local de ordem j, (j = 1,2), em viveiro e (j = 1..3) em local definitivo
	$(AB)_{ij}$	= o efeito aleatório da interação da família de ordem i com o local de ordem j
	$(BC)_{j,k}$	= o efeito aleatório do local de ordem j no bloco de ordem k
	$(ABC)_{ij,k}$	= o efeito aleatório da interação da família de ordem i com o local de ordem j, em cada local
	ε_{ijkl}	= o erro

A análise de variância combinada, em mais de um local, toma a forma constante do quadro III.2 segundo WRIGHT (1976):

QUADRO III.2 - Forma de análise de variância utilizada em multiplantações de testes de progénie de meios irmãos

Origem de Variação	Soma dos Quadrados	Graus de Liberdade	Quadrado Médio	Quadrado Médio Esperado
Famílias	SQF	(f-1)	$\frac{SQF}{(f-1)}$	$\sigma_w^2 + n\sigma_{fb}^2 + nb\sigma_{fl}^2 + nbl\sigma_f^2$
Local	SQL	(l-1)	$\frac{SQL}{(l-1)}$	$\sigma_w^2 + n\sigma_{fb}^2 + nb\sigma_{fl}^2 + nf\sigma_b^2 + nfb\sigma_l^2$
Fam*Local	SQFL	(f-1)(l-1)	$\frac{SQFL}{(f-1)(l-1)}$	$\sigma_w^2 + n\sigma_{fb}^2 + \sigma_{fl}^2$
Bloco em cada local	SQB	l(b-1)	$\frac{SQB}{l(b-1)}$	$\sigma_w^2 + n\sigma_{fb}^2 + b\sigma_b^2$
Fam*Bloc. em cada local	SQFB	l(f-1)(b-1)	$\frac{SQBF}{l(f-1)(b-1)}$	$\sigma_w^2 + n\sigma_{fb}^2$
Residual	SQR	lfb(n-1)	$\frac{SQR}{lfb(n-1)}$	σ_w^2

σ_w^2 - variância das plantas dentro do "plot", σ_{fb}^2 - variância devido à interacção fam*bloco em cada local, σ_{fl}^2 - variância devida à interacção família*local, σ_b^2 - variância devido ao bloco em cada local, σ_l^2 - variância devido ao local, σ_f^2 - variância devido às diferenças entre famílias, f - número de famílias, b - número de blocos em cada local, l - número de locais, n - número de plantas em cada família por bloco.

Os cálculos da heritabilidade serão feitos tal como vem descrito em WRIGHT (1976).

$$h^2 = \frac{4\sigma_f^2}{\sigma_w^2 + \sigma_{fb}^2 + \sigma_{fl}^2 + \sigma_f^2}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_f^2}{\frac{\sigma_w^2}{nbl} + \frac{\sigma_{fb}^2}{bl} + \frac{\sigma_{fl}^2}{l} + \sigma_f^2}$$

2. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância efectuada nos dois viveiros para a característica **número de cotilédones** das plântulas, revelou a existência de diferenças significativas para 1% de probabilidade entre as famílias (quadro III.3) indicando a existência de uma variabilidade apreciável.

QUADRO III.3 - Análise de variância para o **número de cotilédones** nos viveiros do Engenho na Marinha Grande e do Escaroupim

Origem de variação	Soma dos quadrados	Graus de liberdade	Quadrado médio	F calculado
ENGENHO				
Famílias	170.0815	45	3.7796	5.047**
Blocos	4.3342	3	1.4447	1.929 NS
Fam*Bloco	101.1033	135	0.7489	1.078 NS
Residual	849.500	1288	0.6945	
ESCAROUPIM				
Famílias	181.2860	45	4.0286	6.628**
Blocos	1.5346	3	0.5115	0.842 NS
Fam*Bloco	82.0591	135	0.6078	1.029 NS
Residual	761.1250	1288	0.5909	

NOTAS: ** significativo para 1% de probabilidade - NS Não significativo

ILLY (1966) calculou para o Pinheiro bravo uma heritabilidade individual 0.91 e um valor de 0.98 para a heritabilidade à escala de família, o que levou este autor a afirmar que esta característica parece estar fundamentalmente sob influência maternal.

Este efeito parece não se verificar noutras espécies, por exemplo, BIROT (1976) refere heritabilidades compreendidas entre 0.21 e 1.00 em progénies de proveniências de *Pseudotsuga menziesii* (Mirb) FRANCO. No nosso caso as

heritabilidades individuais calculadas nos viveiros do Engenho e do Escaroupim, respectivamente 0.48 e 0.61, situam-se longe dos valores referidos por ILLY (1966) existindo contudo números aproximados ao nível de família: 0.96 e 0.86 (quadro III.4).

QUADRO III.4 - Componentes da variância, heritabilidade, médias, desvios padrões e coeficientes de variação para o número de cotilédones, nos viveiros do Engenho e do Escaroupim

	ENGENHO	ESCAROUPIM
σ_f^2	0.096	0.107
σ_{fb}^2	0.0068	0.002
σ_w^2	0.6945	0.5909
h^2	0.48	0.61
h_f^2	0.96	0.86
\bar{x}	7.5	7.6
s	0.83	0.77
c.v.	11.2%	10.1%

Os valores da média geral obtidos a partir de cerca de 1 500 observações em cada viveiro são praticamente iguais nos dois locais e semelhantes aos números obtidos por GOMES (1982), cerca de 7.5.

DEBAZAC (1977), considera valores normais para a espécie números entre os 6 e 8 cotilédones. Em ambos os viveiros o número mínimo encontrado nas plântulas foi de 5 e o número máximo de 11 cotilédones. Os valores dos desvios padrões e dos coeficientes de variação calculados, embora não nos pareçam muito elevados, são contudo bastante superiores aos indicados por GOMES (1982), que refere um coeficiente de variação de 1.3%.

Na análise da variável **altura do hipocótilo**, como se pode observar no quadro III.5, o valor de F calculado permite concluir que existem diferenças significativas para 1% de probabilidade entre as famílias.

QUADRO III.5 - Análise de variância para a **altura do hipocótilo** nos viveiros do Engenho na Marinha Grande e do Escaroupim

Origem de variação	Soma dos quadrados	Graus de liberdade	Quadrado médio	F calculado
ENGENHO				
Famílias	9525.61	45	211.68	4.062**
Blocos	150.60	3	50.20	0.963 NS
Fam*Bloco	7034.40	135	52.11	1.264 NS
Residual	53106.25	1288	41.23	
ESCAROUPIM				
Famílias	5115.90	45	113.69	4.684**
Blocos	25.01	3	8.34	0.344 NS
Fam*Bloco	3276.96	135	24.27	1.170 NS
Residual	26713.88	1288	20.74	

NOTAS: ** significativo para 1% de probabilidade - NS Não significativo

Os valores da heritabilidade individual calculados para os dois viveiros já referidos foram 0.42 e 0.47 (quadro III.6). São contudo superiores ao valor calculado por GOMES (1982), que refere 0.289. O mesmo autor obteve valores para a heritabilidade de família iguais aos do Escaroupim - 0.77 - e que são praticamente da mesma ordem de grandeza dos que foram obtidos no Engenho - 0.75.

QUADRO III.6 - Componentes da variância, heritabilidade, médias desvios padrões e coeficientes de variação para a altura do hipocótilo nos viveiros do Engenho e do Escaroupim

	ENGENHO	ESCAROUPIM
σ_f^2	4.99	2.79
σ_{fb}^2	1.36	0.44
σ_w^2	41.23	20.74
h^2	0.42	0.47
h_f^2	0.75	0.77
\bar{x} (mm)	42.33	37.13
s	6.42	4.55
c.v.	15.2%	12.3%

Para uma média calculada de 42.33 mm no viveiro do Engenho, foram observados valores que oscilaram entre 21 e 73 mm, com um desvio padrão de 6.42 mm e um coeficiente de variação de 15.2%. No viveiro do Escaroupim o coeficiente de variação foi ligeiramente menor - 12.3% - o valor mínimo observado foi 23 mm e o máximo 59 mm e a média geral calculada desceu ligeiramente para 37.13 mm.

O comprimento dos cotilédones, tal como as variáveis anteriores, é um parâmetro que dá uma noção da superioridade inicial das plântulas. Esta superioridade permite-lhes logo em viveiro dispor de melhores condições para o seu desenvolvimento, daí o nosso interesse em englobá-lo neste estudo.

Relativamente a esta característica, como para as características anteriores, o valor de F calculado é significativo para 1% de probabilidade. No quadro III.7 indicam-se para os dois viveiros (Engenho e Escaroupim) os valores observados para esta variável.

QUADRO III.7 - Análise de variância para o comprimento do maior cotilédone nos viveiros do Engenho na Marinha Grande e do Escaroupim

Origem de variação	Soma dos quadrados	Graus de liberdade	Quadrado médio	F calculado
ENGENHO				
Famílias	6372.29	45	141.61	8.133**
Blocos	30.92	3	10.31	0.592 NS
Fam*Bloco	2350.58	135	17.41	1.205 NS
Residual	53106.25	1288	41.23	
ESCAROUPIM				
Famílias	4789.93	45	106.44	6.247**
Blocos	64.01	3	21.34	1.252 NS
Fam* Bloco	2300.36	135	17.04	1.408**
Residual	15584.50	1288	12.10	

NOTAS: ** significativo para 1% de probabilidade - NS Não significativo

As heritabilidades calculadas foram bastantes elevadas. As médias, desvios padrões e coeficientes de variação calculados foram muito semelhantes nos dois viveiros (quadro III.8).

O número de cotilédones, a altura do hipocótilo e o comprimento do maior cotilédone são características que foram consideradas, não pelo seu interesse económico imediato, mas sim pelo seu interesse biológico. Por outro lado, a utilização destes dados como termo de comparação com outros ensaios, ao fazerem parte de um banco de dados, permitirão, no futuro, pesquisa de testes precoces.

Para tal é necessário observar um determinado número de variáveis numa fase muito jovem de um ensaio e avaliar mais tarde se existem correlações com características de importância económica e se é possível através das primeiras prever o comportamento das segundas.

QUADRO III.8 - Componentes da variância, heritabilidade, médias, desvios padrões e coeficientes de variação para o comprimento do maior cotilédone nos viveiros do Engenho e do Escaroupim

	ENGENHO	ESCAROUPIM
σ_f^2	3.88	2.79
σ_{fb}^2	0.37	0.62
σ_w^2	14.44	12.10
h^2	0.83	0.72
h_f^2	0.88	0.84
\bar{x} (mm)	35.00	35.90
s	3.88	3.48
c.v.	10.6%	9.9%

Na variável altura das plantas em viveiro nove meses após a sementeira, o teste de F efectuado, tal como anteriormente, considerando $\sigma_f^2 = 0$; $\sigma_b^2 = 0$; e $\sigma_{fb}^2 = 0$ permitiu-nos verificar que existe significância para 1% de probabilidade em todas as origens de variação, excepto ao nível dos blocos no viveiro do Escaroupim tal como se pode observar no quadro III.9. Para tal terá contribuído a utilização de apenas quatro canteiros neste viveiro, num ambiente muito homogéneo. Nestas condições, e em fase tão juvenil do teste de descendências maternas, é natural que não se tenha verificado a existência de diferenças significativas entre blocos.

No viveiro do Engenho, pelo contrário, surpreende o valor de F calculado para a mesma origem de variação. Para este efeito poderá ter contribuído a forma dos canteiros neste viveiro que, tal como se disse, determinou a colocação de cada

bloco em três canteiros contíguos num total de doze, com todos os inconvenientes que este procedimento acarreta. Embora a exposição dos canteiros fosse exactamente a mesma, sendo o viveiro cercado por muros de alvenaria com arvoredos envolventes, seria de esperar alguma diferença no número de horas de insolação. Este facto terá permitido nalguns locais maior quantidade de água disponível, tão importante nesta fase do desenvolvimento do material vegetal, o que terá levado a um desenvolvimento desigual das plantas nos blocos.

É de salientar também as diferenças de comportamento das famílias nas várias repetições, que se traduziram na significância da interacção família*bloco, em ambos os viveiros.

QUADRO III.9 - Análise de variância para a altura das plantas em viveiro nove meses após a sementeira nos viveiros do Engenho, na Marinha Grande e do Escaroupim

Origem de variação	Soma dos quadrados	Graus de liberdade	Quadrado médio	F calculado
ENGENHO				
Famílias	4519.187	45	100.426	2.41**
Blocos	7822.445	3	2607.482	62.50**
Fam*Bloco	5631.381	135	41.714	9.84**
Residual	3119.400	736	4.238	
ESCAROUPIM				
Famílias	6165.165	45	137.004	7.64**
Blocos	73.601	3	24.534	0.84 NS
Fam*Bloco	3933.687	135	29.138	7.64**
Residual	2808.100	736	3.815	

NOTAS: ** significativo para 1% de probabilidade - NS Não significativo

GOMES (1982) não encontrou diferenças significativas para a altura total de plantas de Pinheiro bravo em fase de viveiro. No nosso caso, a análise de variância conjunta para os dois viveiros revelou também diferenças significativas

para 1% de probabilidade no comportamento das famílias (quadro III.10). O teste de FISHER não foi significativo para a interacção famílias*locais, verificaram-se entretanto diferenças significativas entre blocos e na interacção famílias*blocos, como seria de esperar.

QUADRO III.10 - Análise de variância conjunta para os dois viveiros, da variável altura das plantas, medidas nove meses após a sementeira

Origem de variação	Soma dos quadrados	Graus de liberdade	Quadrado médio	F calculado
Famílias	8614.158	45	191.426	4.16**
Locais	258.375	1	258.375	
Fam*Locais	2070.194	45	46.004	1.29NS
Bloco em cada local	7896.046	6	1316.008	37.14**
Fam*Bloco em cada local	9565.067	270	35.426	8.80**
Residual	5927.500	1472	4.027	

NOTAS: ** significativo para 1% de probabilidade - NS Não significativo

No quadro III.11 vêm indicadas as componentes de variância utilizadas para os cálculos da heritabilidade segundo metodologia atrás apresentada, a média geral e as heritabilidades da característica altura em viveiro, para cada local e em análise conjunta para os dois viveiros utilizados

Podemos constatar que os valores obtidos para a heritabilidade individual são muito elevados. Especialmente no viveiro do Escaroupim, esta estimativa está naturalmente sobreavaliada, este facto permite-nos afirmar que neste caso não faz sentido a suposição de que $h^2 = 4t$.

QUADRO III.11 - Componentes da variância, heritabilidade e média geral calculada para a **altura das plantas** nos viveiros do Engenho (1), Escaroupim (2) e numa combinação dos dois locais (1) e (2), nove meses após a sementeira.

	ENGENHO (1)	ESCAROUPIM (2)	(1) e (2)
σ_f^2	2.936	5.393	3.636
σ_{fb}^2	7.495	5.065	6.280
σ_{fl}^2			0.529
σ_w^2	4.238	3.815	4.027
h^2	0.80	1.51	1.00
h_f^2	0.58	0.79	0.76
\bar{x} (cm)	23.64	24.39	24.01

Como se disse, desde que se trate de famílias de meios-irmãos, σ_f^2 é uma estimativa de 1/4 da variância genética aditiva $\sigma_A^2 = 4 \sigma_f^2$. Para que tal seja estritamente verdade é necessário que cada indivíduo de uma determinada família tenha tido um progenitor masculino diferente. Contudo, como se compreende, num pomar clonal de polinização livre não é muito provável que tal aconteça, mesmo que todos os clones contribuíssem de forma idêntica para a floração. No caso particular do pomar do Escaroupim existe um claro desequilíbrio na produção gamética, desequilíbrio esse, bastante comum em pomares de coníferas nas idades jovens, especialmente na floração masculina. Concretamente, no ano de 1983, ano da floração correspondente à semente utilizada neste estudo, 25% dos clones foram responsáveis por mais de 80% da floração masculina, uma percentagem semelhante

produziu cerca de 60% da floração feminina (VARELA, 1989). Estes dados são indicadores de um parentesco dentro das famílias que é maior do que o resultante da relação meios irmãos.

SQUILLACE (1974), referindo-se ao tipo de parentesco que pode ocorrer entre indivíduos da mesma família oriundos de polinização livre, indica várias possibilidades que ocorrem sempre em proporções difíceis de determinar, e tornam muitas vezes a estimativa da variância genética aditiva muito imprecisa, quando não se trata só de meios-irmãos mas sim de uma mistura de meios-irmãos, irmãos verdadeiros e de autofecundações.

Nestes casos, a relação $h^2 = 4t$ não é verdadeira e por tal motivo acontece muitas vezes uma sobreavaliação da heritabilidade.

No mesmo trabalho, este autor apresenta uma interessante tabela em que se pretende corrigir os cálculos da heritabilidade. Esta tabela é obtida pela aplicação de um factor de correcção ao verdadeiro coeficiente de correlação genética (r) (FALCONER, 1981) calculado com base no conhecimento da percentagem de autopolinização que poderá ocorrer num pomar de 20 clones.

Apesar destas questões o coeficiente de correlação genética para as famílias de meios-irmãos tem sido utilizado largamente, porque é uma base de comparação para outros estudos. Existem numerosos exemplos de heritabilidades sobreavaliadas, por exemplo, BIROT (1976) encontrou valores de 1.51 para proveniências de pseudotsuga, para a característica desenvolvimento tardio dos gomos vegetativos. MCKEAND (1978), calculou 1.25 para a heritabilidade individual da altura aos 8 anos na *Juglans nigra*, PÖYKKÖ (1982) refere heritabilidades superiores a 1.00 para várias características em progénies de Pinheiro silvestre.

IV - ESTUDO DAS PROGÊNIES NO LOCAL DEFINITIVO

1. MATERIAL E MÉTODOS

Vários factores importantes determinam a escolha dos locais destinados à instalação de ensaios florestais, especialmente se estes representam investimentos significativos, não só do ponto de vista económico como também do património genético adquirido. Estes factores devem ser bem equacionados de modo a preservar o melhor possível o material genético de que dispomos.

Em primeiro lugar, é necessário que o terreno tenha bons acessos, devido à necessidade de se fazerem frequentes deslocações ao local, com o objectivo de proceder a observações, medições, limpezas e verificar as marcações que indicarão a correcta disposição das diferentes unidades experimentais no terreno. Por outro lado, o terreno escolhido deve ser rodeado de aceiros e arrifes, situar-se perto de estradas florestais e ser vigiado com frequência, de modo a diminuir o risco de incêndio, permitindo rápidas deslocações ao local. No nosso caso particular, procurou-se que este fosse uniforme e homogéneo, de forma a reduzir ao mínimo a variação ambiental para que, face aos resultados obtidos, se possam diferenciar os efeitos causados por factores genéticos dos causados por factores ambientais, que é o objectivo fundamental destes testes.

Entre o reduzido número de possibilidades de escolha de locais com estas características para a instalação do teste de descendências maternas, provenientes do pomar do Escaroupim, decidimos utilizar uma parte dos talhões números 24 e 152 da Mata Nacional de Leiria e do talhão número 5 da Mata Nacional do Escaroupim, ocupando em cada um cerca de 2 ha.

O delineamento experimental idealizado no gabinete constou de oito blocos casualizados completos, sendo as famílias e as testemunhas representadas por oito árvores em cada bloco, com o espaçamento de 2x2m.

Em Fevereiro de 1988, um ano após a plantação, foram efectuadas medições de alturas em todas as árvores, exceptuando naturalmente as mortas e aquelas que apresentavam um crescimento anormal, por terem sido roídas por coelhos. Este fenómeno foi notório especialmente no talhão 24, aparecendo com menor intensidade no talhão 152, no Escaroupim não se verificou.

O número de plantas roídas ou mortas raramente foi superior a duas em cada parcela ("plot"), não havendo portanto necessidade de eliminar do ensaio nenhuma delas.

Fez-se posteriormente a retancha, com plantas provenientes dos mesmos lotes da semente utilizados anteriormente, resultantes de nova sementeira feita na altura própria, exclusivamente para este fim, nos viveiros atrás referidos.

Nas medições do segundo ano foram incluídas todas as plantas que haviam sido roídas pelos coelhos, por terem recuperado o seu tamanho normal. As plantas retanchadas no ano anterior não foram medidas.

Na Mata Nacional do Escaroupim o número de plantas substituídas no primeiro ano foi excepcionalmente baixo, apenas 34 num total de 3200. A mortalidade no segundo ano de crescimento atingiu números semelhantes, o que é excelente no meio florestal. Para este efeito terá contribuído a ausência de competição com a vegetação espontânea durante este período.

1.1 Caracterização sumária dos locais

Na Mata Nacional de Leiria os solos são constituídos por dunas e areias de textura grosseira (podzóis), provenientes do período Plistocénico, tal como as

areias quartzosas que constituem os solos da Mata Nacional do Escaroupim (regossolos) (OLIVEIRA, 1964).

As análises que efectuámos revelaram que os solos são muito ácidos ou ácidos, com valores de pH (H₂O) compreendidos entre 4.5 e 5.0, nos talhões utilizados na Mata Nacional de Leiria, e um valor estável de 5.5 no talhão número 5 da Mata Nacional do Escaroupim. Em todos os locais o teor em matéria orgânica é baixo ou muito baixo, tendo sido no Escaroupim onde se notaram os valores mais reduzidos (Anexo 1).

Os talhões utilizados na Marinha Grande têm surraipa, fenómeno que é naturalmente um entrave ao desenvolvimento inicial das plantas.

No talhão 24 a surraipa encontra-se muito superficial e foi facilmente visível após os trabalhos de preparação do solo, no talhão 152 só raramente se viu surraipa à superfície, no entanto esta existe em todo o local, o que provoca uma certa heterogeneidade no terreno, que aconselhava a utilização de blocos.

Na Mata Nacional do Escaroupim, pelo contrário, este fenómeno não se verifica, os solos são bastante profundos, não oferecendo assim resistência ao desenvolvimento radicular.

A flora espontânea teve um papel importante na competição inicial com os jovens pinheiros, especialmente em Leiria, juntando-se às naturais dificuldades de desenvolvimento destes, provocadas pela surraipa.

Por este motivo, registámos em todos os talhões a flora espontânea dominante: talhão 24 (Mata Nacional de Leiria) - *Ulex parviflorus ssp. parviflorus*, *Calluna vulgaris* e *Agrostis stolonifera* sendo esta gramínea extraordinariamente agressiva em termos de competição; talhão 152 (Mata Nacional de Leiria) - *Stauracanthus genistoides*, *Phillyrea angustifolia*, *Halimium calcycinum*, *Cytisus grandiflorum* e *Arbutus unedo*; talhão 5 (Mata Nacional do Escaroupim) - *Lavandula pendunculata ssp. sampaiana*, *Cistus salvifolius* e *Rumex bucephalophorus*. As duas primeiras

espécies referidas para o talhão 152 tiveram o papel mais importante neste local porque, sendo do tipo "arbustivo" e não se encontrando dispersas de forma equilibrada, como é o caso da *Agrostis stolonifera* no talhão 24, conduziram a uma competição de características muito diferentes. No talhão 5 do Escaroupim praticamente não existiu competição com a flora espontânea. A única espécie comum aos três locais é a *Cistus salvifolius*, que é dominante no Escaroupim e secundária na Marinha Grande.

Sob o ponto de vista climático as diferenças dizem respeito à precipitação média anual e ao número médio de dias com temperaturas máximas acima de 25 °C. sendo, respectivamente, 882.6 mm e 54.4 dias na Marinha Grande e 600 mm e 108.9 dias no Escaroupim (Anexo 2).

Segundo o esboço das regiões climáticas de Portugal de DAVEAU (1985), a Marinha Grande está situada numa região climática tipo marítimo de fachada atlântica e a região onde se inclui o Escaroupim é do tipo continental atenuado.

A exposição e a disposição dos blocos em cada um dos locais foram naturalmente determinadas pela configuração do terreno disponível. Na figura IV.1 pode-se observar de forma esquemática a solução adoptada. No anexo 3 vem indicada a localização dos ensaios nos talhões das respectivas Matas Nacionais.

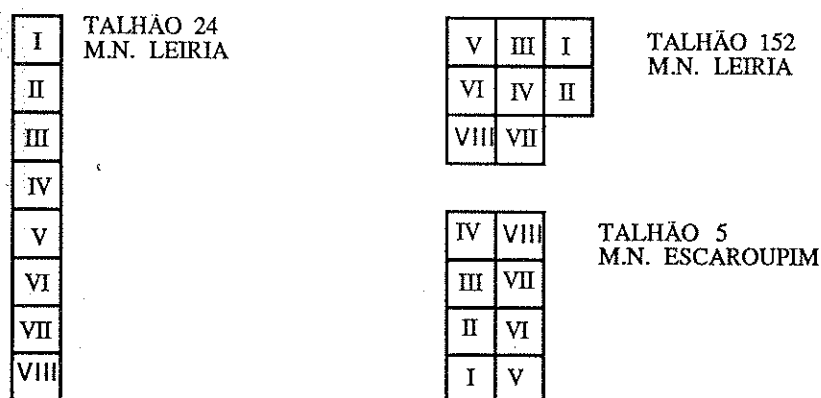


Fig. IV.1- Disposição dos blocos nos vários talhões onde se efectuaram os ensaios. Os números romanos indicam os blocos nos quais foram casualizadas as quarenta e seis famílias e as quatro testemunhas

1.2 Análise estatística

Os modelos matemáticos e os cálculos estatísticos apropriados para a estimativa da heritabilidade, ao nível individual e de família, são idênticos aos que foram apresentados no capítulo anterior.

Apesar da fase juvenil em que se encontra o teste de progénies, factor importante em genética florestal, calculámos para um dos locais o ganho genético que se obtém para a altura aos dois anos, e elaborámos a seriação das famílias, de modo a podermos observar a evolução destes parâmetros genéticos ao longo dos anos, até nos ser permitido fazer a selecção final.

Para o cálculo do ganho genético a fórmula clássica, segundo FALCONER (1981), é a seguinte:

$$R = i h^2 \sigma_p$$

em que: i - intensidade de selecção
 h^2 - heritabilidade (em sentido restrito)
 σ_p - desvio padrão fenotípico

No caso de um teste maternal, seleccionando as melhores famílias, será segundo NANSON (1970):

$$\Delta G = i h_f^2 \sigma_p = i \sqrt{h_f^2} \sigma_f$$

em que: h_f^2 - heritabilidade de família
 σ_f - desvio padrão dos valores genotípicos médios por família

A selecção dos progenitores respectivos conduzirá a um ganho duplo do acima indicado. Isto é consequência do facto de as descendências superiores terem metade dos genes dos progenitores correspondentes e metade de toda a população, enquanto que após a selecção todos os genótipos são superiores. Por outro lado, na expressão do ganho, quando esta é aplicada aos progenitores, um dos factores é o desvio padrão dos valores reprodutivos (σ_A), (dobro do desvio da descendência de um genótipo, relativamente à descendência média, quando este se cruza ao acaso com todos os membros da população) que têm um valor duplo dos das descendências. Isto significa que o desvio padrão anterior (σ_f) deve ser substituído pelo desvio padrão dos valores reprodutivos das árvores mães (σ_A).

Então
$$\sigma_A^2 = 4 \sigma_f^2$$

$$\sigma_A = 2 \sigma_f$$

e o ganho genético será: $\Delta A = i \sqrt{h_f^2} (2\sigma_f) = i h_f^2 (2\sigma_p) = 2\Delta G$ tal como é deduzido por NANSON (1970).

2. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O objectivo fundamental de um teste de progénie é, como se disse anteriormente, determinar o valor reprodutivo dos progenitores, por intermédio do valor médio das respectivas descendências, e estimar o ganho genético através da análise de variância e da heritabilidade. É importante, no entanto, verificar se existe ou não um comportamento diferenciado das famílias nos blocos de um mesmo local, interacção família*bloco, bem como a existência de interacção família*local. Desta interacção resulta obviamente a evidência de que os genótipos respondem de

forma diversa a diferentes meios ambientes, o que será sem dúvida um obstáculo quando se procuram genótipos bem adaptados a vários locais simultaneamente.

Neste caso deve-se ponderar bem a situação, uma vez que não se deverá seleccionar um grupo pequeno. A situação contrária permitirá maior mobilidade, até determinados limites, que não colidam com aspectos ligados ao aumento de consanguinidade da população.

Nos quadros seguintes IV.1 a IV.5, vêm indicados os resultados da análise de variância em cada um dos locais e a análise conjunta nos três locais, para o primeiro e segundo anos, respeitantes às medições da variável altura, nesta fase juvenil do estudo

Quadro IV.1 - Análise de variância em cada um dos locais, da variável altura das plantas, medida um ano após a plantação.

Origem da variação	Soma dos quadrados	Graus de liberdade	Quadrado médio	F calculado
M.Grande T24				
Famílias	15844.10	45	352.09	2.54 **
Blocos	8092.16	7	1156.02	8.34 **
Fam*Bloco	43661.75	315	138.61	2.54 **
Residual	115347.17	2307 (269)	50.00	
M.Grande T152				
Famílias	8174.34	45	181.65	1.24 NS
Blocos	5602.52	7	800.36	5.44 **
Fam*Bloco	46313.18	315	147.03	2.44 **
Residual	132640.14	2199 (377)	60.32	
Escaroupim T5				
Famílias	24540.50	45	545.30	1.83 **
Blocos	14502.20	7	2071.70	6.95 **
Fam*Bloco	93928.60	315	298.20	2.39 **
Residual	317344.60	2542 (34)	124.80	

Nota : ** significativo para 1% de probabilidade - NS não significativo
Entre parentesis encontra-se o número de dados em falta

Apenas no talhão 152 na Marinha Grande se calcularam valores não significativos para o teste de FISHER no que concerne às diferenças entre famílias. A heterogeneidade nas condições de crescimento ao longo do local, devido à surraipa e ao tipo de competição da flora espontânea, conduziu a um tipo de competição muito diferente daquele que se verificou no talhão 24, em que esta foi muito mais homogênea e permitiu uma melhor expressão genotípica, tendo sido possível realçar as diferenças entre as famílias, nesta fase juvenil do ensaio.

Quadro IV.2 - Análise de variância conjunta para os três locais, da variável **altura das plantas, medida um ano após a plantação.**

Origem da variação	Soma dos quadrados	Graus de liberdade	Quadrado médio	F calculado
Famílias	2.207E+04	45	4.903E+02	1.67 *
Locais	4.099E+06	2	2.050E+06	
Fam.*Locais	2.649E+04	90	2.944E+02	1.51 **
Bloco em cada local	2.819E+04	21	1.342E+03	6.90 **
Fam*Bloco em cada local	1.839E+05	945	1.946E+02	2.43 *
Residual	5.653E+05	7048 (680)	8.021E+01	

Notas : * significativo para 5% de probabilidade - ** significativo para 1% de probabilidade. Entre parentesis encontra-se o número de dados em falta.

No talhão 152, pelos motivos atrás referidos, existiu uma tendência para igualizar as diferenças genéticas, pensamos contudo que após o choque da plantação e com melhor desenvolvimento radicular, vencido o obstáculo da surraipa, será possível avaliar com maior segurança as diferenças entre as famílias. Esta situação manteve-se no segundo ano de crescimento (quadros IV-3 e IV-4). Verificou-se em todos os locais o efeito bloco, o que nos permite concluir que, pelo

menos até aos dois anos, a variável altura das plantas não é insensível a pequenas diferenças de qualidade do solo verificadas no local do ensaio.

Este aspecto é mais sensível no talhão 24, nas análises estatísticas efectuadas tanto no primeiro como no segundo ano, sem dúvida devido à disposição dos blocos no terreno (fig.IV.1). Esta disposição não seria em princípio a mais correcta, mas foi imposta pela configuração do espaço que dispunhamos e, naturalmente, a análise estatística reflete isso mesmo, um gradiente de variação na qualidade do solo.

Quadro IV.3 - Análise de variância em cada um dos locais da variável altura das plantas, medida dois anos após a plantação.

Origem da variação	Soma dos quadrados	Graus de liberdade	Quadrado médio	F calculado
M.Grande T24				
Famílias	73148.20	45	1625.50	3.00 **
Blocos	42501.50	7	6071.60	11.23 **
Fam*Bloco	170288.50	315	540.60	2.74 **
Residual	464631.80	2352 (224)	197.50	
M.Grande T152				
Famílias	42317.70	45	940.40	1.06 NS
Blocos	20529.00	7	2932.70	3.31 **
Fam*Bloco	279247.80	315	886.50	2.96 **
Residual	661498.10	2208 (368)	299.6	
Escaroupim T5				
Famílias	144369.20	45	3208.20	1.93 **
Blocos	60462.70	7	8637.50	5.18 **
Fam*Bloco	524590.30	315	1665.40	2.92 **
Residual	1446122.70	2536 (40)	570.20	

Nota : ** significativo para 1% de probabilidade - NS não significativo
Entre parentesis encontra-se o número de dados em falta

Quadro IV.4 - Análise de variância conjunta para os três locais, da variável altura das plantas, medidas dois anos após a plantação

Origem da variação	Soma dos quadrados	Graus de liberdade	Quadrado médio	F calculado
Famílias	8.590E+04	45	1.909E+02	0,99 *
Locais	1.801E+07	2	9.003E+06	
Fam.*Locais	1.740E+05	90	1.933E+03	1,87 **
Bloco em cada local	1.235E+05	21	5.881E+03	5,70 **
Fam*Bloco em cada local	9.742E+05	945	1.031E+03	2,84 *
Residual	2.572E+06	7096 (632)	3.625E+02	

Notas :** significativo para 1% de probabilidade.

Entre parentesis encontra-se o número de dados em falta

A opção pela disposição das famílias em blocos parece-nos deste modo a decisão mais correta, pela possibilidade de retirar o efeito bloco das análises e permitir estimativas mais seguras. Verificou-se ainda em todos os talhões interacção família*bloco e, na análise conjunta dos vários locais, interacção família*locais, tanto no primeiro como no segundo ano. Este factor é importante porque deixa perceber alteração na ordenação das famílias nos vários locais, o que em princípio não é desejável.

Por outro lado, feita a estimativa do ganho genético, esta não se verifica com a segurança pretendida uma vez que quando se verificam condições de significativa interacção família*locais, tenderá a haver acentuada discrepância entre o ganho calculado e o ganho observado em cada um dos futuros locais de utilização da semente melhorada, o que prejudica a eficácia da análise.

No quadro IV.5 vêm indicadas as componentes da variância, heritabilidade e média geral, calculadas para a **altura das plantas** no primeiro e segundo anos, nos três locais onde se instalaram os ensaios de progénie. Neste quadro realçamos a expressão muito fraca da variação genética (σ_f^2) no primeiro ano na Mata Nacional do Escaroupim, sendo a mesma praticamente sem significado no primeiro e segundo anos no talhão 152 da Mata Nacional de Leiria. Foi ainda neste local que se verificaram os valores mais elevados na componente ligada ao erro (σ_w^2). A diminuta expressão da variância genética verificada no talhão 152 refletiu-se naturalmente em valores muito baixos calculados para a heritabilidade, tanto a nível individual como de família.

Quadro IV-5 - Componentes da variância. Heritabilidade e média geral calculadas para a **altura das plantas**, no primeiro e segundo anos, nos três locais onde se instalaram os ensaios de progénie.

	MARINHA GRANDE				ESCAROUPIM	
	TALHÃO 24		TALHÃO 152		TALHÃO 5	
	1º ANO	2º ANO	1º ANO	2º ANO	1º ANO	2º ANO
σ_f^2	3.34 (4.97%)	16.95 (6.22%)	0.54 (0.74%)	0.84 (0.22%)	3.86 (2.50%)	24.11 (3.21%)
σ_b^2	2.76 (4.10%)	15.03 (5.52%)	1.78 (2.42%)	5.56 (1.47%)	4.82 (3.11%)	18.95 (2.53%)
σ_{fb}^2	11.08 (16.49%)	42.89 (15.75%)	10.84 (14.75%)	73.36 (19.34%)	21.66 (13.97%)	136.90 (18.25%)
σ_w^2	50.00 (74.45%)	197.5 (72.51%)	60.32 (82.09%)	299.60 (78.98%)	124.80 (80.43%)	570.20 (76.01%)
h^2	0.20	0.26	0.03	0.009	0.10	0.12
h_f^2	0.61	0.67	0.20	0.057	0.45	0.48
\bar{x} (cm)	22.41	41.47	24.36	43.38	69.05	138.19

9,03

A componente ligada especialmente à variação ambiental, efeito bloco $\left(\sigma_b^2\right)$, foi mais elevada no talhão 24 da Mata Nacional de Leiria, o que comprova a correção do dispositivo experimental adoptado, de resto, praticamente imposto pela configuração do terreno, tal como já observámos. O talhão 24, em Leiria, apresenta os valores mais equilibrados. Neste local a componente que corresponde à variância genética observada $\left(\sigma_f^2\right)$, aumentou no segundo ano e é maior do que aquela que se verifica percentualmente para os efeitos estritamente ambientais, tal facto também se verificou no Escaroupim.

Não são comparáveis as médias gerais para a variável **altura das plantas**, calculadas no Escaroupim, com aquelas que se verificam nos outros locais, isto porque no talhão 5 não existiu qualquer obstáculo ao desenvolvimento das raízes, e também porque a competição da flora espontânea foi muito reduzida, não deixam no entanto de surpreender os números observados, que correspondem em termos gerais a mais do triplo do crescimento observado nos outros locais.

Julgamos que neste momento um estudo conjunto iria falsear de certo modo os resultados. No caso da análise de variância conjunta para o segundo ano, na determinação da componente ligada à variação genética $\left(\sigma_f^2\right)$, verificou-se mesmo um resultado negativo, o que não está de acordo com a teoria da heritabilidade. Com este resultado, deve-se admitir uma certa fragilidade dos instrumentos de análise, especialmente no que concerne a testes de progénie de polinização livre, isto mesmo é admitido por PÖYKKÖ (1982), que determinou também valores negativos para a heritabilidade em testes de progénie para o pinheiro silvestre, tal como já havia calculado valores superiores a 1.00, aos quais já fizemos referência no capítulo III.

Os valores que constam do quadro IV.5, correspondentes às medições da **altura das plantas** no segundo ano no talhão 24, da Marinha Grande, foram

aqueles em que nos baseámos para calcular o ganho genético justificando-se esta opção pelo facto de esses valores conduzirem a estimativas das componentes da variância e da heritabilidade mais propícios à obtenção de estimativas elevadas do ganho.

A metodologia estatística já apresentada atrás para um teste de descendências maternas segue de perto a teoria exposta por NANSON (1970).

$$\Delta G = i h_f^2 \sigma_p = i \sqrt{h_f^2} \sigma_f$$

$$h_f^2 = \frac{16.95}{3.086 + 5.36 + 16.95}$$

$$\sqrt{h_f^2} = 0.82$$

$$\sigma_p = 5.039$$

$$\sigma_f = 4.117$$

Se considerarmos a selecção das 16 melhores famílias em 46, ficaremos ao abrigo de problemas graves de consanguinidade (WRIGHT, 1963), que conduzem nos pinheiros à perda de vigor. Embora, por uma questão de estabilidade dos ganhos, quando se utiliza a semente em vários locais, fosse conveniente seleccionarmos um número superior de famílias, no entanto, manteremos este número como hipótese de trabalho. Neste caso virá, segundo BECKER (1985)

$$i = 1.062$$

sendo então
$$\Delta G = i h_f^2 \sigma_p = i \sqrt{h_f^2} \sigma_f = 3.59 \text{ cm}$$

Se seleccionarmos os dezasseis progenitores correspondentes, um novo pomar constituído por estes permitirá obter um ganho genético que será:

$$\Delta A = 2 \Delta G = i \sqrt{h_f^2} (2\sigma_f) = 7.18 \text{ cm}$$

Considerando a média geral do ensaio $\bar{x} = 41.47 \text{ cm}$ o resultado anterior (7.18 cm) corresponderá a um ganho genético de 17.3%, se se verificarem no novo pomar cruzamentos ao acaso entre todos os progenitores.

Considerando as dezasseis melhores famílias do talhão 24, os valores médios para a variável **altura das plantas**, obtidos no conjunto destas famílias, no ensaio e nas testemunhas (semente comercial proveniente de cortes finais na Mata Nacional de Leiria) são os seguintes:

- testemunhas $\bar{x}_1 = 39.60 \text{ cm}$
- ensaio $\bar{x}_2 = 41.47 \text{ cm}$
- 16 famílias $\bar{x}_3 = 46.94 \text{ cm}$

Com estes valores podemos calcular o ganho proveniente da selecção das árvores plus, considerando as testemunhas uma amostra representativa da população de Leiria. Assim, o ganho resultante da selecção das árvores plus corresponde a 4.7% $\frac{(\bar{x}_2 - \bar{x}_1)}{\bar{x}_2}$. Adicionando a este número o ganho genético já calculado, proveniente da selecção dos dezasseis melhores progenitores (17.3%), obteríamos um ganho total previsível de 22%, relativamente às populações base da Mata Nacional de Leiria, o que a verificar-se, teria importantes repercussões económicas.

O valor obtido resultante da selecção de árvores plus (4.7%), está de acordo com os números geralmente apresentados em França para o pinheiro bravo, entre 3 a 5%, (BARADAT, 1987; ROULUND *et al.*, 1988).

É ponto assente entre vários autores florestais que um ganho entre 2 e 5% em volume justificará plenamente, na grande maioria dos casos, um programa de melhoramento (DAVIES, 1967).

Na nossa opinião, contudo, tal como já dissémos, os importantes benefícios que advirão da aplicação de um programa de melhoramento para o pinheiro bravo (e nós esperamos convictamente que os ganhos a calcular no momento decisivo sejam ainda superiores), não poderão ser contabilizados se não houver simultâneamente um conjunto de acções a desenvolver que passam pela assistência técnica e económica aos proprietários florestais, de modo a evitar a deficiente condução dos povoamentos e o agravamento da situação existente, que em 1983 revelava uma quebra de 2.5 milhões de metros cúbicos no acréscimo anual (DGF, 1983).

Logicamente que não podemos ainda avaliar com o grau de certeza requerido os ganhos genéticos que poderemos vir a obter, decorrem no entanto, noutros países, programas de melhoramento para o Pinheiro bravo, nomeadamente na Austrália e em França, e nestes casos já existem cálculos definitivos.

Na Austrália, em testes de progénie desta espécie com a idade de dez anos, calculou-se um incremento de 40% em árvores com boa forma do fuste, e 150% em árvores com forma do tronco excepcional, tendo sido verificada uma produção em volume de 10 m³/ha enquanto que a semente de rotina (australiana) não ia além de uma produção de 7 m³/ha (BUTCHER, 1977). Ainda no mesmo país, segundo BUTCHER (1988), em ensaios de produção com onze anos de idade, utilizando lotes de semente de pomar obteve-se um ganho genético de 36% em volume relativamente à semente comercial australiana e portuguesa.

Segundo BARADAT (1986, 1987), o ganho genético actualmente conseguido pelo programa de melhoramento de pinheiro bravo do INRA representa

15% em volume e 20% na boa forma do tronco, havendo boas perspectivas de duplicar estes ganhos muito em breve.

2.1 Seriação das famílias

Ao fazermos a ordenação dos valores médios observados para cada família, pretendemos avaliar a superioridade genética da progénie de um indivíduo para uma ou mais características, no caso presente, a altura das plantas.

Nos casos em que se verificarem grandes diferenças entre as médias dos blocos, então a seriação geral pode ser preponderantemente determinada pela do bloco com média mais elevada. A determinação do efeito deste factor no enfraquecimento das análises (não correspondência entre os ganhos estimados e os observados), só poderá ser feita quando se dispuser de dados relativos a idades mais avançadas, ou recorrendo a experiências de simulação em computador, ou a ensaios específicos para determinação do ganho observado. Entretanto, um método de reequilibrar o peso dos diferentes blocos como determinantes da seriação poderá consistir em ordenar os clones pelas somas dos desvios, em relação à média dos blocos, divididos por essas próprias médias.

No quadro IV.6 vem indicada a ordenação das famílias pelas médias das descendências, e com base no somatório dos quocientes dos desvios da média do bloco por essa mesma média.

Como se pode observar, não se verificaram grandes alterações na seriação das famílias pelos dois métodos, embora as diferenças entre os blocos e interacção famílias*blocos sejam significativas (quadro IV.3), as famílias a seleccionar seriam sempre as mesmas apesar de existirem pequenas mudanças de posição na ordenação pelos dois métodos.

QUADRO IV.6 - Seriação das famílias no talhão 24 pelas médias das descendências (A) e com base no somatório dos quocientes dos desvios da média do bloco por essa mesma média (B). Neste quadro estão apenas representadas as famílias cujo valor é superior à média geral do ensaio para a variável altura

método (A) famílias	método (B) famílias
15	15
58	58
45	45
14	14
46	46
30	30
17	17
16	16
34	34
53	53
31	5
20	20
5	8
8	31
78	23
23	78
11	11
9	68
68	48
48	9
19	19
13	41
7	7

O objectivo fundamental de um pomar clonal de sementes é o fornecimento regular e abundante de semente de superior qualidade genética. Após o desbaste genético, os ganhos previstos são consideráveis, mas o fornecimento regular e abundante de semente pode ficar comprometido se estes estudos não forem complementados com informações detalhadas sobre o comportamento reprodutivo dos progenitores. Segundo VARELA (1989), os pomares do Escaroupim, não sendo equilibrados em termos de floração masculina e feminina, estão contudo em excelente posição relativamente ao que é normal acontecer em pomares de pináceas.

Se não se alterar a actual seriação de famílias, dos primeiros dezasseis progenitores escolhidos, cinco deles (15, 14, 16, 34 e 20) são muito maus produtores de floração masculina e de pinhas. Neste número, apenas quatro clones (8, 17, 23 e 45) são bons produtores de pinhas.

Procurando uma solução de compromisso, julgamos que o indicado na actual situação, seria a selecção de vinte famílias, uma vez que deste modo ficariam englobados os progenitores números 9, 68 e 48 que são excelentes produtores de pólen e de pinhas. Aliás, os problemas atrás mencionados com a interacção apontam também para um ligeiro aumento do número de famílias seleccionadas. Deste modo poderíamos obter uma solução de equilíbrio, em que não se correria o risco de reduzir drasticamente a produção de semente, devido à fraca produção de flores femininas e, por outro lado, evitaríamos um aumento das autopolinizações e de consanguinidade devido à exiguidade de pólen no pomar.

2.2 - Perspectivas futuras

É imprescindível continuar este estudo por forma a confirmar os resultados promissores que se verificam nesta fase do ensaio, de modo a realizar o desbaste genético do pomar, que é um dos objectivos deste trabalho, permitindo assim obter semente controlada, com ganhos genéticos que se prevêm avultados e que deverão ser confirmados por plantações comparativas que não deixarão de se efectuar.

A constituição de um novo pomar com os progenitores seleccionados, que deverá entrar em plena produção quando os pomares I e II estiverem em regressão, surge também como uma natural continuação do presente estudo.

A plena realização do trabalho a longo prazo, do qual o presente estudo representa apenas um início, leva-nos ainda a vincar a necessidade do planeamento

e execução de um parque de clones, integrando os genótipos superiores seleccionados no decurso deste trabalho, assim como os melhores progenitores da selecção australiana, nomeadamente, aqueles que não foram testados entre nós. Num parque deste tipo a realização de cruzamentos controlados será bastante facilitada e permitirá ter a curto prazo uma população de melhoramento para a zona litoral do país. Futuramente a integração de outros genótipos a seleccionar de preferência nos povoamentos produtores de semente, já existentes na área de expansão da espécie possibilitará construir uma população de melhoramento de âmbito mais alargado.

Esta estratégia assume grande importância dentro de um programa de melhoramento genético de âmbito nacional para a espécie, que urge implementar com rapidez e decisão.

V - CONCLUSÕES

Como decorre das análises do capítulo II, verifica-se que existe grande variabilidade entre os clones em todas as características estudadas, comprimento médio das pinhas, peso médio das pinhas, peso médio do penisco por pinha e comprimento médio do penisco. Considerando simultaneamente todas estas características é possível, por outro lado, agrupar os clones em classes ao longo de um eixo de variação global (1º eixo na análise de componentes principais). Isto significa que, de um modo geral, os clones com maiores pinhas também são aqueles que têm valores superiores à média para as outras características.

Relativamente à variável número médio de peniscos por pinha verifica-se que 17% dos clones não seguem a tendência geral do paralelismo entre o comprimento da pinha e o número de sementes que esta contém, contudo, estes estudos devem ser complementados e aprofundados por dados de floração, uma vez que a formação do penisco está intimamente ligada ao "tamanho efectivo" da população e à sincronização floral.

Uma metodologia de gestão nos pomares do Escaroupim que tivesse por critério a eliminação de pinhas de reduzidas dimensões conduziria a uma grave diminuição da variabilidade genética, isto é, se fossem escolhidas apenas pinhas cujo comprimento é superior à média geral, o resultado corresponderia à rejeição da produção seminal de 24 clones, o que iria representar uma redução de 52% na variabilidade genética.

Nos estudos realizados em viveiro, as variáveis utilizadas para caracterizar as plântulas, número de cotilédones, altura do hipocótilo e comprimento do maior cotilédone revelaram também a existência de grande variabilidade entre as famílias. Os valores calculados para as heritabilidades destas características são elevados, apresentando uma ordem de grandeza semelhante à referenciada por outros autores.

Ainda em viveiro, verificaram-se diferenças significativas entre as famílias para a variável altura das plantas, cuja heritabilidade individual revelou no viveiro do Escaroupim o valor anómalo de 1.51, o que deixa perceber um claro desequilíbrio na produção gamética entre os clones, o que é comum em pomares de coníferas nas idades jovens, especialmente na floração masculina, e põe em causa a hipótese de que o grau de parentesco entre os indivíduos seja só do tipo meios irmãos.

Em local definitivo, nos três talhões experimentais, verifica-se heterogeneidade nas condições de crescimento, devido a fenómenos de competição provocados pela diferente composição e desenvolvimento da flora espontânea e, também, pela existência de manchas irregulares de surraipa. Em todos os talhões se verificaram diferenças significativas entre as famílias excepto no talhão 152 da Mata Nacional de Leiria. Verificou-se sempre forte interacção família*local e família*bloco em cada local, o que revela alteração na seriação das famílias nos vários locais, nesta fase juvenil do ensaio.

Utilizando os valores médios das testemunhas e a média geral do ensaio (talhão 24), a magnitude do ganho genético atribuível à selecção massal das "árvores plus" iniciais foi estimada em 4.7%, o que é revelador da existência de um património genético rico e promissor e, portanto, merecedor do melhor esforço, de modo a permitir-lhe a expressão de todas as suas potencialidades.

Por outro lado, não queremos deixar de realçar, por considerarmos que é o resultado mais importante, o ganho genético calculado (altura ao 2º ano) com base na selecção das dezasseis melhores progénies e na heritabilidade de família do talhão 24 da Mata Nacional de Leiria, que tem o excelente valor de 17.3%, o que abre as melhores perspectivas ao trabalho de melhoramento genético de Pinheiro bravo em curso.

REFERÊNCIAS

AGUIAR, A. (1986) - Contribuição para a metodologia da colheita, manipulação e armazenamento da semente de *Pinus pinaster* AIT. *Comunicações, 1º Congresso florestal nacional*, Lisboa

ALAZARD, P. (1982) - État d'avancement de l'amélioration génétique du pin maritime. *Extrait des annales AFOCEL*

ANCILLOTTI, A.; GIANNINI, R. (1974) - Indagini preliminari sulle variazioni di alcuni caratteri di strobili, semi e plantule di pino d'alepo (*Pinus halepensis* Mill.) e pino marittimo (*Pinus pinaster* Ait.). *L'Italia Florestale e Montana*. p. 62-88.

ALPUIM, M. (1971) - Algumas considerações sobre o melhoramento genético do Pinheiro bravo. *Estudos e informação D.G.S.F.A.* nº 257 Lisboa

BARADAT, Ph. (1986) - Pin maritime. Amélioration génétique des arbres forestiers. *Revue Forestière Française, numéro spécial*.

BARADAT, Ph. (1987) - Comunicação pessoal.

BECKER, W. (1985) - *Manual of Quantitative Genetics*. Washington State University. Academic Enterprises Pullman. Washington.

BIROT, Y. (1976) - Genetic parameters variations between some populations of Douglas fir: consequences on selection. *I.U.F.R.O. Joint meeting advanced generation breeding*. Bordeaux.

BOUROCHE, J.M.; SAPORTA, G. (1982) - *Análise de dados*. Zahar Editores S.A. Rio de Janeiro

BOUVAREL, P. (1955) - La sélection individuelle des arbres forestiers (resineux) à la Station de Recherches Exp. Forest. *Revue Forestière Française* 7 (II)

BUTCHER, T. (1977) - Gains from the *Pinus pinaster* improvement programme in Western Australia. *Third World consultation on forest tree breeding* vol. 2 Canberra Austrália

BUTCHER, T. (1988) - Comunicação pessoal.

BHUMIBHAMON, S. (1978) - Studies on Scots Pine seed orchards in Finland with special emphasis on the genetic composition of the seed. *Communications Instituti Forestalis Fenniae* 94.(4) Helsinki.

CAMPBELL, R. K., SORENSEN, F.C. (1984) - *Genetic Implications of Nursery Practices*. Forest Nursery Manual. Forest Research Laboratory. Oregon State University Corvallis.

CARLISLE, A.; TEICH, A.M. (1971) - The costs and benefits of tree improvement programmes. *Can. Forest. Serv. Publ.* 1302.

- CARLISLE, A.; TEICH, A.M. (1978) - Análisis de costos y beneficios en los programas de mejora genética florestal. *Unasyva*, vol. 30 nº119-120.
- CHAPERON, M. (1986) - *La culture du pin maritime en Aquitaine*. AFOCEL Nangis
- COSTA (1986) - Ficha monográfica. I Pinheiro bravo *Floresta* nº 3 Lisboa
- DAVEAU, S. et al. (1985) - Mapas climáticos de Portugal. *Memórias do Centro de estudos geográficos* nº 7. *Universidade de Lisboa. INIC*. Lisboa
- DAVIS, L.S. (1967) - Investments in lobbolly pine clonal seed orchards; production costs and economic potencial. *J. Forest.*, 65:882-887.
- DEBAZAC, E. F. (1977) - *Manuel des Conifères*. École Nacional du Génie Rural des Eaux et Forêts, Nancy.
- D.G.F. (1983) - Análise do potencial produtivo da floresta portuguesa. I - Pinheiro bravo. *Estudos e Informação* nº 295.
- FALCONER (1980) - *Introduction to Quantitative Genetics*. Second edition Longman - London and New York.
- FERREIRA, C.M. (1988) - Pragas do Pinheiro Bravo *Tecnologias Agrárias* vol.1 (1) Lisboa
- FERREIRA, C.M. (1989) - Comunicação pessoal.
- GOMES, A.L. (1982) - Preliminares do Melhoramento Florestal na zona norte do país. Ensaio juvenis de algumas essências. Tese, UTAD. Vila Real
- HOPE, K. (1968) - *Methods of multivariate analysis*. Unibooks - University of London Press Ld.
- HOPKINS, E.R. (1960) - Variation in the growth rate and quality of *Pinus pinaster* Ait. in Western Australia. *For. Dept. W.A. Bulletin* No.67.
- ILLY, G. (1966) - Recherches sur l'amélioration génétique du Pin maritime. *Ann. Sci For.* 23 (4). p. 769 - 948. Paris
- I.P.F. (1986) - Divisão de estudos económicos. Perfil florestal. *Instituto dos Produtos Florestais*. Lisboa
- ISTA (1985) - Proceedings of the Internacional Seed testing Association. *Seed Science and Technology* Vol. 13 (2)
- KOSKI, V. (1970) - A study of pollen dispersal as a mechanism of gene flow in conifers. *Communicationes Instituti Florestalis Fenniae* 70.(4). Helsinki
- LANG, P. (1988) - The reduction of the genetical variability of some Norway Spruce provenances by grading *Working party :producing uniform conifer planting stock*. York.

LEBART, L. et al. (1985) - SPAD - Systeme Portable pour L'Analyse des Données. C.E.S.I.A., 75007 Paris.

McKEAND, S.E.(1978) - "Analysis of half-sib progeny tests of Black walnut". M.S.Thesis. *Department of Forestry and Natural Resources, Purdue University, Lafayette, Ind.*

MEIDEN, H. A. (1977) - Economics of Poplar breeding. *Third World consultation on forest tree breeding* vol. 2. Camberra Austrália .

NANSON, A. (1970) - L'heritabilité et le gain d'origine génétique dans quelques types d'expériences. *Silvae Genetica* 19 (4) p. 113-121.

NICHOLLS, J.W.P.; DADSWELL, H.E. and PERRY, D.H. (1963) - Assessment of wood qualities for tree breeding. II In *Pinus pinaster* Ait., from Western Australia. *Silvae Genetica* 12, 105-110.

OLIVEIRA, A.; CABRITA, C.; CANHÃO, L. (1964) - Os solos da Mata Nacional do Escaroupim e perímetro das Ferrarias. *Estudos e Informação.DGSFA* nº198 - G 3. Lisboa.

PÁSCOA, F. (1987) - Estrutura, Crescimento e Produção em povoamentos de Pinheiro bravo. Um modelo de simulação. Tese - I.S.A. Lisboa

PERRY, D. H. and HOPKINS, E.R. (1967) - Importation of breeding material of *Pinus pinaster* Ait. from Portugal. *For.Dept. W.A. Bulletin* No 75.

PESSOA, F. S. (1965) - Contribuição para o estudo do Melhoramento Genético do Pinheiro bravo (*Pinus pinaster* Sol.) em Portugal. Relatório final do curso de Eng^o. Silvicultor I.S.A.

ROQUES, A. (1983) - *Les insectes ravageurs des cones et graines de Conifères en France*. INRA, Paris.

ROULUND,H.; ALPUIM,M.; VARELA, M.C.; AGUIAR, A.(1988) - A Tree Improvement plan for *Pinus pinaster* in Portugal. *E.F.N.* Lisboa.

SARVAS, R. (1962) - Investigations on the flowering and seed crop of *Pinus silvestris*. *Communicationes Instituti Florestalis Fenniae* 53.(4) p. 1-198 Helsinki

SIEGFRIED, W.R. (1986) - Cone and seed relationships in Cluster Pine. *Pinus pinaster* Ait., in the South Western Cape. *Suid-Afrikaanse Bosboutydskrif* - nr 137.

SOKAL, R.; ROHLF, F. (1969) - *Biometry*. W. H. Freeman and Company. San Francisco

SQUILLACE, A. E. (1974) - Average genetic correlations among offspring from open-pollinated forest trees. *Silvae genetica* 23 (5).

STRITOF, J. (1981) - Studies on flowering and seed production in *Pinus pinaster*. *Internal Report Forests Department of Western Australia*

ARELA, C. (1983) - A qualidade da semente em Silvicultura. *Reuniões técnico-científicas E.F.N.* Lisboa

ARELA, C. (1989) - Comportamento reprodutivo de *Pinus pinaster* Ait num banco clonal de sementes. Tese E.F.N. Lisboa

DALPOLE, R.; MYERS, R. (1978) - *Probability and statistics for Engineers and Scientists*. Macmillan Publishing Co. New York.

FRIGTH, J.W. (1963) - *Aspects génétiques de l'amélioration des arbres forestiers*. F.A.O. Rome.

FRIGTH, J.W. (1976) - *Introduction to Forest Genetics*. Academic Press, London

ROBEL, B. (1978) - Una vida mejor o la mera subsistencia. *Unasyva*, Vol. 30 nº 19 -120.

ROBEL, B. , TALBERT, J. (1984) - *Applied Forest Tree Improvement*. John Wiley & Sons, New York.