

PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS NO MELHORAMENTO DE *Eucalyptus* - MELHOR PREDIÇÃO LINEAR

Marcos Deon Vilela de Resende
Antonio Riroyei Higa
Osmir José Lavoranti
CNPFFlorestas/EMBRAPA

RESUMO

Os métodos de seleção aplicados ao melhoramento florestal, sejam univariados ou multivariados, representam métodos de melhor predição linear (BLP), quando se trabalha com dados balanceados. Porém, em situações de desbalanceamento de dados, ou seja, quando determinados candidatos à seleção apresentam menor quantidade e/ou qualidade de informações, os métodos de seleção para uma característica e os índices de seleção não representam a melhor predição linear, pois utilizam os mesmos ponderadores fenotípicos (pesos ou ponderadores dos valores fenotípicos) generalizadamente para todos os candidatos. No presente trabalho foi aplicado o método BLP propriamente dito, visando contornar situações de desbalanceamento atualmente detectados nos programas de melhoramento de *Eucalyptus* no Brasil. Estas situações surgem especialmente quando se dispõe de um mesmo teste de progênie instalado em mais de um ambiente. Assim, utilizou-se um teste de progênie de *E. grandis*, instalado em dois locais. Considerou-se como objetivo da seleção, o caráter volume aos cinco anos, sendo que dois outros caracteres (DAP aos três e cinco anos) foram os preditores de volume aos cinco anos. Foram considerados três situações: ambiente alvo da seleção sendo o local 1, local 2, e a média dos locais. A aplicação do BLP conduziu, nas condições deste estudo, às eficiências seletivas de 14%, 1% e 22% superiores ao método padrão (que desconsidera o desbalanceamento), para o local 1, local 2 e média dos ambientes, respectivamente.

ABSTRACT

Univariate and multivariate selection methods applied to forest tree breeding, are best linear prediction (BLP) methods, when balanced data are used. However, in situations of unbalanced data, such as different quality and quantity of informations for each individual being ranked, these methods do not represent best linear prediction, because they use the same weight coefficients for all individuals. In this paper, the method BLP was applied in a situation of unbalanced data detected in *Eucalyptus* breeding programs in Brazil. Data of progeny tests of *Eucalyptus grandis* established at two sites were used. The breeding objective was volume at age 5 and the predicting traits were diameter at ages 3 and 5. Three situations were considered: target environment being site 1, site 2 and average of the sites. BLP led to relative superiorities of 14%, 1% and 22% over the standard method (which do not take into account the unbalancing) for the site 1, 2 and average of the sites, respectively.

1. INTRODUÇÃO

Os métodos de seleção univariados ou multivariados aplicados ao melhoramento florestal representam métodos de melhor predição linear (BLP), quando se trabalha com dados balanceados. Por outro lado, em situação de desbalanceamento de dados, ou seja, quando os candidatos à seleção apresentam diferentes quantidades e/ou qualidade de informação, os métodos de seleção para uma característica

(seleção massal, seleção entre e dentro, seleção combinada, índice multi-efeitos e regressão geno-fenotípica multivariada) e os índices de seleção multi-característicos, não representam a melhor predição linear, pois estes métodos utilizam os mesmos ponderadores (pesos) dos valores fenotípicos, generalizadamente para todos os candidatos. O método BLP propriamente dito, adotado na predição de valores genéticos, leva em conta as diferentes quantidades e qualidades das informações referentes aos candidatos à seleção através do desenvolvimento de coeficientes de ponderação específicos para cada candidato.

Nestas situações, o método BLP desenvolvido e amplamente aplicado no melhoramento animal (HENDERSON 1963; 1973; 1977; 1984) fornece predições mais precisas de valores genéticos, tratando-os como variáveis aleatórias. No melhoramento florestal, a aplicação desta técnica iniciou-se mais recentemente (WHITE et al. 1986; WHITE & HODGE, 1989). A distinção entre estimação e predição de valores genéticos é discutida por WHITE & HODGE (1989), e está associada à definição dos modelos, se fixo ou aleatório, respectivamente. Segundo os autores, a diferença entre as duas aproximações pode parecer subjetiva e semântica, mas no entanto, conduzem a diferentes modelos lineares e funções dos dados utilizados para o ordenamento dos genótipos. Por se tratar de predição, é assumido na derivação da equação do BLP, que todos os segundos momentos (variâncias e covariâncias) dos dados são conhecidos. Entretanto, na aplicação prática, esses parâmetros nunca são conhecidos exatamente, mas apenas estimados dos dados. Isto denota que para aplicação do BLP e também dos índices de seleção, faz-se necessário a disponibilidade de precisas matrizes de covariância, recomendando-se para isso um estudo prévio das propriedades das matrizes empregadas (HAYES & HILL, 1980).

Com base no exposto, e tendo-se identificado situações de desbalanceamento, nos programas de melhoramento de *Eucalyptus* no Brasil, o presente trabalho tem como objetivo investigar os benefícios da aplicação desta técnica, nos programas de melhoramento em execução no país.

2. MATERIAIS E MÉTODOS

Os aspectos metodológicos apresentados a seguir são descritos com detalhe por HENDERSON (1984) e WHITE & HODGE (1989).

A expressão geral para predição de valores genéticos pelo método BLP equivale a:

$$g = r + C^{-1}V^{-1}(y - a), \text{ onde:}$$

g = vetor coluna $q \times 1$ de valores genéticos sendo preditos, referentes a q candidatos à seleção e v caracteres.

$r = E(g)$ = vetor coluna $q \times 1$ de valores esperados dos valores genéticos sendo preditos. Em geral, podem ser assumidos como zeros significando que os valores genéticos sendo preditos serão expressos como desvios ao redor de zero. Entretanto, em alguns casos, deve ser considerado como o progresso com seleção obtido de seleções prévias, especialmente quando se trabalha com progênies advindas de populações com diferentes graus de melhoramento.

y = vetor coluna $n \times 1$ dos dados preditores.

$a = E(y)$ = vetor coluna $n \times 1$ de valores esperados dos dados observados (primeiros momentos dos dados = médias). O conteúdo de a depende do modelo linear usado para representar y , e estes valores esperados estão associados às porções referentes aos efeitos fixos do modelo.

$(y - a)$ = vetor coluna $n \times 1$ que expressa os dados como desvios de seus valores esperados (médias).

$C = COV(y, g')$ = matriz $n \times q$ de covariâncias entre as observações e os valores genéticos sendo preditos.

PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS NO MELHORAMENTO DE *Eucalyptus* - MELHOR PREDIÇÃO LINEAR

Marcos Deon Vilela de Resende
Antonio Riroyei Higa
Osmir José Lavoranti
CNPFFlorestas/EMBRAPA

RESUMO

Os métodos de seleção aplicados ao melhoramento florestal, sejam univariados ou multivariados, representam métodos de melhor predição linear (BLP), quando se trabalha com dados balanceados. Porém, em situações de desbalanceamento de dados, ou seja, quando determinados candidatos à seleção apresentam menor quantidade e/ou qualidade de informações, os métodos de seleção para uma característica e os índices de seleção não representam a melhor predição linear, pois utilizam os mesmos ponderadores fenotípicos (pesos ou ponderadores dos valores fenotípicos) generalizadamente para todos os candidatos. No presente trabalho foi aplicado o método BLP propriamente dito, visando contornar situações de desbalanceamento atualmente detectados nos programas de melhoramento de *Eucalyptus* no Brasil. Estas situações surgem especialmente quando se dispõe de um mesmo teste de progênie instalado em mais de um ambiente. Assim, utilizou-se um teste de progênie de *E. grandis*, instalado em dois locais. Considerou-se como objetivo da seleção, o caráter volume aos cinco anos, sendo que dois outros caracteres (DAP aos três e cinco anos) foram os preditores de volume aos cinco anos. Foram considerados três situações: ambiente alvo da seleção sendo o local 1, local 2, e a média dos locais. A aplicação do BLP conduziu, nas condições deste estudo, às eficiências seletivas de 14%, 1% e 22% superiores ao método padrão (que desconsidera o desbalanceamento), para o local 1, local 2 e média dos ambientes, respectivamente.

ABSTRACT

Univariate and multivariate selection methods applied to forest tree breeding, are best linear prediction (BLP) methods, when balanced data are used. However, in situations of unbalanced data, such as different quality and quantity of informations for each individual being ranked, these methods do not represent best linear prediction, because they use the same weight coefficients for all individuals. In this paper, the method BLP was applied in a situation of unbalanced data detected in *Eucalyptus* breeding programs in Brazil. Data of progeny tests of *Eucalyptus grandis* established at two sites were used. The breeding objective was volume at age 5 and the predicting traits were diameter at ages 3 and 5. Three situations were considered: target environment being site 1, site 2 and average of the sites. BLP led to relative superiorities of 14%, 1% and 22% over the standard method (which do not take into account the unbalancing) for the site 1, 2 and average of the sites, respectively.

1. INTRODUÇÃO

Os métodos de seleção univariados ou multivariados aplicados ao melhoramento florestal representam métodos de melhor predição linear (BLP), quando se trabalha com dados balanceados. Por outro lado, em situação de desbalanceamento de dados, ou seja, quando os candidatos à seleção apresentam diferentes quantidades e/ou qualidade de informação, os métodos de seleção para uma característica

(seleção massal, seleção entre e dentro, seleção combinada, índice multi-efeitos e regressão geno-fenotípica multivariada) e os índices de seleção multi-característicos, não representam a melhor predição linear, pois estes métodos utilizam os mesmos ponderadores (pesos) dos valores fenotípicos, generalizadamente para todos os candidatos. O método BLP propriamente dito, adotado na predição de valores genéticos, leva em conta as diferentes quantidades e qualidades das informações referentes aos candidatos à seleção através do desenvolvimento de coeficientes de ponderação específicos para cada candidato.

Nestas situações, o método BLP desenvolvido e amplamente aplicado no melhoramento animal (HENDERSON 1963; 1973; 1977; 1984) fornece predições mais precisas de valores genéticos, tratando-os como variáveis aleatórias. No melhoramento florestal, a aplicação desta técnica iniciou-se mais recentemente (WHITE et al. 1986; WHITE & HODGE, 1989). A distinção entre estimação e predição de valores genéticos é discutida por WHITE & HODGE (1989), e está associada à definição dos modelos, se fixo ou aleatório, respectivamente. Segundo os autores, a diferença entre as duas aproximações pode parecer subjetiva e semântica, mas no entanto, conduzem a diferentes modelos lineares e funções dos dados utilizados para o ordenamento dos genótipos. Por se tratar de predição, é assumido na derivação da equação do BLP, que todos os segundos momentos (variâncias e covariâncias) dos dados são conhecidos. Entretanto, na aplicação prática, esses parâmetros nunca são conhecidos exatamente, mas apenas estimados dos dados. Isto denota que para aplicação do BLP e também dos índices de seleção, faz-se necessário a disponibilidade de precisas matrizes de covariância, recomendando-se para isso um estudo prévio das propriedades das matrizes empregadas (HAYES & HILL, 1980).

Com base no exposto, e tendo-se identificado situações de desbalanceamento, nos programas de melhoramento de *Eucalyptus* no Brasil, o presente trabalho tem como objetivo investigar os benefícios da aplicação desta técnica, nos programas de melhoramento em execução no país.

2. MATERIAIS E MÉTODOS

Os aspectos metodológicos apresentados a seguir são descritos com detalhe por HENDERSON (1984) e WHITE & HODGE (1989).

A expressão geral para predição de valores genéticos pelo método BLP equivale a:

$$g = r + C'V^{-1}(y - a), \text{ onde:}$$

g = vetor coluna $q \times 1$ de valores genéticos sendo preditos, referentes a q candidatos à seleção e v caracteres.

$r = E(g)$ = vetor coluna $q \times 1$ de valores esperados dos valores genéticos sendo preditos. Em geral, podem ser assumidos como zeros significando que os valores genéticos sendo preditos serão expressos como desvios ao redor de zero. Entretanto, em alguns casos, deve ser considerado como o progresso com seleção obtido de seleções prévias, especialmente quando se trabalha com progênies advindas de populações com diferentes graus de melhoramento.

y = vetor coluna $n \times 1$ dos dados preditores.

$a = E(y)$ = vetor coluna $n \times 1$ de valores esperados dos dados observados (primeiros momentos dos dados = médias). O conteúdo de a depende do modelo linear usado para representar y , e estes valores esperados estão associados às porções referentes aos efeitos fixos do modelo.

$(y - a)$ = vetor coluna $n \times 1$ que expressa os dados como desvios de seus valores esperados (médias).

$C = COV(y, g')$ = matriz $n \times q$ de covariâncias entre as observações e os valores genéticos sendo preditos.

$V = \text{Var}(y)$ = matriz nxn de variâncias e covariâncias entre as observações (Segundos momentos dos dados).

A expressão apresentada é, em essência, a mesma aplicada no método dos índices de seleção, exceto que não apresenta a pré-multiplicação pelo vetor linha de pesos econômicos. Assim sendo, alguns autores usam BLP e índice de seleção como sinônimos (HENDERSON, 1973, 1977) e outros preferem caracterizar índice de seleção como um caso particular de BLP (WHITE & HODGE, 1989).

No presente trabalho foram utilizados dados referentes a dois testes de progênie de *E. grandis* instalados no delineamento de blocos casualizados com 6 plantas por parcela, ambos avaliados aos 3 e 5 anos. O primeiro deles (local 1) contém 24 famílias de uma população e foi avaliado em 4 blocos, enquanto o segundo (local 2) contém 24 famílias da mesma população e foi avaliado em 5 blocos. No total foram avaliadas 25 famílias diferentes, sendo que 23 delas são comuns aos dois experimentos. Essas informações demonstram o desbalanceamento referente às informações dos diferentes candidatos à seleção.

Aplicou-se o método BLP, visando selecionar através de valores genéticos, as melhores famílias para crescimento em volume aos 5 anos, para os seguintes ambientes alvos da seleção: local 1, local 2 e média dos locais 1 e 2. Foram utilizadas como variáveis preditoras de volume aos 5 anos, DAP aos 3 e 5 anos advindos das avaliações (médias) de ambos locais.

Assim, o seguinte modelo linear foi definido:

$$y_{imjk} = u + p_i + L_m + B_{mj} + pl_{im} + e_{imj} + d_{imjk}, \text{ onde:}$$

u - média geral dos experimentos, fixa, $E(u) = u$ e $E(u^2) = u^2$

p_i - efeito aleatório da progênie i ($i=1,2 \dots p$), $E(p) = 0$ e $E(p^2) = 0$

L_m - efeito fixo do ambiente m ($m=1,2 \dots l$), $E(L_m) = L$ e $E(L_m^2) = L^2$
 B_{mj} - efeito fixo do bloco j no local m ($j=1,2, \dots b$), $E(B_{mj}) = B$ e $E(B_{mj}^2) = B^2$

pl_{im} - efeito aleatório da interação da progênie com o local m , $E(pl_{im}) = 0$ e $E(pl_{im}^2) = V_{pl}$

e_{imj} - efeito aleatório da parcela imj , $E(e_{imj}) = 0$ e $E(e_{imj}^2) = V_e$

d_{imjk} - efeito aleatório associado ao indivíduo K ($K=1,2 \dots n$), da progênie i na repetição mj , $E(d_{imjk}) = 0$ e $E(d_{imjk}^2) = V_d$

Trabalhando-se com médias de família, tem-se que as mesmas em cada teste, são definidas: $Y_{im..} = u + p_i + L_m + pl_{im} + (e_{imj}/b) + (d_{im..}/bn)$

Assim sendo, tem-se que os valores esperados (a) das médias de família em cada local equivalem a:

$$a = E(y) = E(y_{im..}) = E(u) + E(p_i) + E(L_m) + E(pl_{im}) + E(e_{imj}/b) + E(d_{im..}/bn) = u + L_m \text{ ou seja, a média de cada família (y) em (y - a), no presente caso, deve ser desviada de } u + L_m, \text{ que é a média geral de cada experimento.}$$

No presente caso, r equivale a zero, pois tratam-se de progênie de uma mesma população.

Como o material experimental no presente caso, constitui-se de progênie de meios-irmãos não aparentadas, tem-se a situação em que cada família de meios irmãos não contribui com informação a respeito do valor genético de outras famílias, de tal sorte que as matrizes C e V podem ser manipuladas isoladamente, visando estimar o

valor genético de cada família. No presente caso, as matrizes V para cada família foram assim compostas:

As matrizes C foram estruturadas em função dos ambientes alvo da seleção, da seguinte maneira:

a) Para famílias avaliadas nos 2 locais

a.1) Visando ganho no local 1	a.2) Visando ganho no local 2	a.3) Visando ganho nos locais 1 e 2
$\frac{1}{4} [\text{COVA}(D_3V_5)_1]$	$\frac{1}{4} [\text{COVA}(D_3V_5)_{12}]$	$\frac{1}{8} [\text{COVA}(D_3V_5)_1 + [\text{COVA}(D_3V_5)_{12}]$
$\frac{1}{4} [\text{COVA}(D_5V_5)_1]$	$\frac{1}{4} [\text{COVA}(D_5V_5)_{12}]$	$\frac{1}{8} [\text{COVA}(D_5V_5)_1 + [\text{COVA}(D_5V_5)_{12}]$
$\frac{1}{4} [\text{COVA}(D_3V_5)_{12}]$	$\frac{1}{4} [\text{COVA}(D_3V_5)_2]$	$\frac{1}{8} [\text{COVA}(D_3V_5)_{12} + [\text{COVA}(D_3V_5)_2]$
$\frac{1}{4} [\text{COVA}(D_5V_5)_{12}]$	$\frac{1}{4} [\text{COVA}(D_5V_5)_2]$	$\frac{1}{8} [\text{COVA}(D_5V_5)_{12} + [\text{COVA}(D_5V_5)_2]$

b) Para famílias avaliadas em um só local

b.1) Visando ganho no local 1	b.2) Visando ganho no local 2	b.3) Visando ganho nos locais 1 e 2
$\frac{1}{4} [\text{COVA}(D_3V_5)_{m1}]$	$\frac{1}{4} [\text{COVA}(D_3V_5)_{m1m2}]$	$\frac{1}{8} [\text{COVA}(D_3V_5)_{m1} + \text{COVA}(D_3V_5)_{m1m2}]$
$\frac{1}{4} [\text{COVA}(D_5V_5)_{m1}]$	$\frac{1}{4} [\text{COVA}(D_5V_5)_{m1m2}]$	$\frac{1}{8} [\text{COVA}(D_5V_5)_{m1} + \text{COVA}(D_5V_5)_{m1m2}]$

onde: $\text{COVA}(D_3V_5)_1$ - Covariância genética aditiva entre os caracteres DAP aos 3 anos e volume aos 5 anos no local 1;

$\text{COVA}(D_5V_5)_{12}$ - Covariância genética aditiva entre os caracteres DAP aos 5 anos e volume aos 5 anos, obtida da análise conjunta dos locais 1 e 2.

Na aplicação do método, admitiu-se tamanho infinito das famílias, usando-se generalizadamente 0,25 como multiplicador das covariâncias genéticas aditivas.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na tabela 1, são apresentados os parâmetros genéticos e fenotípicos utilizados, no presente estudo.

Constata-se pela Tabela 1, a presença de considerável interação genótipo x locais para os caracteres DAP aos 3 e 5 anos, conforme corroborado pelas baixas magnitudes da variância genética aditiva na análise conjunta, em relação às verificadas nas análises individuais. De fato, detectou-se a presença de interação genótipo x ambiente significativa na análise conjunta para os 3 caracteres.

Quanto à precisão dos experimentos, os coeficientes de variação experimental equivaleram a 13,8%, 11,81% e 25,0% no local 1;

a) Para famílias avaliadas nos 2 locais

$\text{Var}(D_{31})$	$\text{COV}(D_{31}D_{51})$	$\text{COV}(D_{31}D_{32})$	$\text{COV}(D_{31}D_{52})$
$\text{COV}(D_{31}D_{51})$	$\text{Var}(D_{51})$	$\text{COV}(D_{51}D_{32})$	$\text{COV}(D_{51}D_{52})$
$\text{COV}(D_{31}D_{32})$	$\text{COV}(D_{51}D_{32})$	$\text{Var}(D_{32})$	$\text{COV}(D_{32}D_{52})$
$\text{COV}(D_{31}D_{52})$	$\text{COV}(D_{51}D_{52})$	$\text{COV}(D_{32}D_{52})$	$\text{Var}(D_{52})$

b) Para famílias avaliadas em um só local m

$\text{Var}(D_{3m})$	$\text{COV}(D_{3m}D_{5m})$
$\text{COV}(D_{3m}D_{5m})$	$\text{Var}(D_{5m})$

onde: D_{xm} - Diâmetro à altura do peito na idade $x = 3$ ou 5 e no local m .

Var - Variância fenotípica ao nível de médias de família.

COV - Covariância fenotípica ao nível de médias de família.

Tabela 1. Parâmetros genéticos e fenotípicos utilizados no presente estudo, referentes às análises no local 1, 2 e análise conjunta. Caracteres DAP aos 3 anos (D_3) e 5 anos (D_5) e volume aos 5 anos (V_5).

		D_3D_3	D_5D_5	D_3D_5	D_3V_5	D_5V_5
Local 1	1/4 COV_A	0.598	0.720	0.692	0.0333	0.0329
	COV_F	1.238	1.351	0.9049	0.04295	0.0631
Local 2	1/4 COV_A	0.6107	1.1173	0.8432	0.0418	0.0536
	COV_F	0.9258	1.8067	1.1497	0.0560	0.0862
Análise conjunta	1/4 COV_A	0.3033	0.2845	0.3464	0.0158	0.0128
	COV_F	0.5764	0.8470	0.5811	0.0277	0.0397

COV_A - Covariância genética aditiva

COV_F - Covariância fenotípica ao nível de médias.

11,9%, 14,5% e 29,0% no local 2 e 6,7%, 8,1% e 18,5% na análise conjunta para D_3 , D_5 e V_5 , respectivamente. Estes valores estão coerentes com os normalmente verificados na experimentação com *Eucalyptus*.

Na Tabela 2, são apresentadas as relações das 5 progênies selecionadas em cada ambiente alvo da seleção bem como os respectivos progressos genéticos associados, considerando o emprego dos métodos: a) padrão, ou seja, a utilização apenas das informações dos próprios ambientes alvos da seleção, quais sejam: apenas dados do local 1, para o ambiente alvo "local 1"; apenas dados do local 2, para o ambiente alvo "local 2"; e média dos locais 1 e 2, para ambiente alvo

Tabela 2. Relação das progênies selecionadas em cada ambiente alvo da seleção e progressos genéticos (em valores absolutos e em porcentagem da média* do ambiente alvo) pelo método padrão, (que considera na seleção apenas os dados do próprio ambiente alvo da seleção) e pelo método BLP (usando toda a informação disponível).

Ambiente Alvo	Método Padrão		Método BLP	
	Nº das Progênies	Progresso genético (Valor genético)**	Nº das Progênies	Progresso genético
Local 1	23	0.0543	23	0.0556
	10	0.0344	25	0.0462
	07	0.0339	07	0.0395
	22	0.0264	10	0.0301
	06	0.0258	22	0.0282
	Média	0.035 (11,69%)	Média	0.0399 (13,32%)
	Local 2	25	0.0996	25
15		0.0588	15	0.0587
22		0.0527	22	0.0559
17		0.0414	17	0.0417
23		0.0364	23	0.0365
Média		0.0578 (22,04%)	Média	0.0585 (22,30%)
Média dos locais 1 e 2	23	0.0504	25	0.0729
	22	0.0436	23	0.0461
	15	0.0353	15	0.0433
	17	0.0335	22	0.0420
	07	0.0332	07	0.0342
	Média	0.0392 (13,96%)	Média	0.0477 (16,98%)

* 0.2995, 0.2623, 0.2809 - média dos locais 1, 2 e média geral, respectivamente, em m^3 .

** Equivale ao valor genético quando referente a cada progênie e ao progresso genético quando referente à média das progênies selecionadas.

"média dos locais"; b) BLP, em que toda a informação disponível (dos 2 locais, caracteres D_3 e D_5) é utilizada, visando ganhos especificamente em cada ambiente alvo.

Observa-se pela Tabela 2, que a aplicação do método BLP mostrou-se vantajosa em relação ao método padrão. Para o ambiente alvo local 1, a superioridade relativa equivaleu a 14% (13,32% contra 11,69%), para o local 2, equivaleu a 1% (22,30% contra 22,04%) e para a média dos locais equivaleu a 22% (16,98% contra 13,96%).

Observa-se que, na seleção para o local 1 e para a média dos ambientes, houveram pequenas alterações nas progênies selecionadas com base nos 2 diferentes métodos de seleção (Tabela 2). A progênie 25, embora não avaliada no local 1, foi selecionada como a 2ª melhor progênie para este ambiente. Logicamente, isto decorre do fato de que esta progênie apresenta um altíssimo valor genético no local 2, de forma que mesmo computadas as perdas no seu valor genético devidas à interação, a mesma ainda mostrou-se adequada ao local 1 (Tabela 2).

Quanto ao ambiente alvo "local 2", verifica-se que foram selecionadas as mesmas progênies, pelos dois diferentes métodos. Entretanto, o ganho genético pelo método BLP mostrou-se ligeiramente superior. Isto confirma a maior eficiência do método, o qual propiciou uma maior herdabilidade (precisão) na seleção. Como o método BLP é mais acurado e baseou-se em um número maior de informações, a estimativa de ganho por este método é a mais precisa e deve ser a preferida.

A técnica BLP é extremamente útil no melhoramento florestal, pois permite levar em conta quaisquer desbalanceamentos tais como informações de diferentes idades, de diferentes locais, diferentes estruturas experimentais, diferentes precisões, diferentes caracteres avaliados, diferentes ambientes alvos, bem como diferentes quantidades (por ex. diferentes números de parentes avaliados) de informações

referentes aos diferentes candidatos à seleção. Para aplicação do método basta a disponibilidade de parâmetros genéticos precisos que permitam a conexão das diferentes informações, e o cuidado na estruturação das matrizes. No presente trabalho ilustrou-se a aplicação do método, para contornar situações de: diferentes ambientes alvos da seleção; seleção com base em vários caracteres e diferentes idades; diferentes locais de avaliação; diferentes números de repetições; diferentes número de informações referentes a determinados candidatos. No entanto, o método foi aplicado apenas com vistas à seleção de famílias. O ordenamento a nível de indivíduo também deve ser praticado com base no BLP, bastando para isso levar também em consideração, os diferentes efeitos do modelo matemático, tal como o efetuado por RESENDE & HIGA (1993) e RESENDE et alii (1993). Logicamente que para casos mais complexos (como a seleção de indivíduos), maiores esforços computacionais serão exigidos.

Em termos de seleção, os métodos delineados e aplicados no Brasil até o momento, parecem cobrir a maioria das situações tais quais: a) índice de seleção: maximização do ganho em um agregado genotípico composto por vários caracteres (interesse no melhoramento de vários caracteres simultaneamente); b) índice multi-efeitos: maximização do ganho em um caráter, com base em avaliação apenas desse caráter; c) Regressão geno-fenotípica multivariada: maximização de ganho em um caráter, com base em múltiplas informações (vários caracteres, várias idades, vários efeitos do modelo matemático); d) BLP: maximização de ganho em caracteres específicos (um ou vários simultaneamente), com base em múltiplas informações desbalanceadas.

Outras situações intermediárias ainda podem ser citadas tais como a seleção em um teste de progênies pertencentes a diferentes populações, a seleção a partir de vários pequenos experimentos instalados em um local, a seleção utilizando dados dos parentais e de outros ancestrais, dentre outros. Esses casos foram amplamente discutidos por RESENDE & HIGA (1992).

Ainda com relação a situações de desbalanceamento, outra técnica relatada em literatura e amplamente empregada no melhoramento animal trata-se do BLUP (Melhor predição linear não viciada). Esta técnica constitui-se num processo iterativo e somente deve ser usada quando não se dispõe de boas estimativas dos efeitos fixos (a da equação de BLP) do modelo linear, tais como as médias dos locais, no presente caso. Pelo menos no estágio atual do melhoramento florestal no Brasil, parece que esta situação não existe. Também, conforme relatado por WHITE & HODGE (1989), a técnica do BLP parece contornar a maioria das situações presentes no melhoramento florestal, de maneira geral.

4. CONCLUSÕES

- O método BLP maximiza o progresso genético em situações de dados desbalanceados, sendo portanto, o mais apropriado para tais situações.

- A aplicação do BLP conduziu a eficiências de 14%, 1% e 22% superiores ao método padrão (que desconsidera o desbalanceamento e baseia-se em um menor número de informações), para o local 1, 2 e média dos locais, respectivamente.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- HAYES, J.F.; HILL, W.G. A reparameterization of a genetic selection index to locate its sampling properties. *Biometrics*, v. 36. p. 237-248, 1980.
- HENDERSON, C.R. Selection index and expected genetic advance. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F. *Statistical genetics and plant breeding*. Washington: NAS-NRC. Pub. Nº 982. 1963. p.141-163.
- HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. In: *Animal*

- Breeding and Genetics Symposium in Honor of J. Lush*. Animal Science Association American, Champaign, Ill. 1973. p.10-41.
- HENDERSON, C.R. Prediction of future records. In: POLLACK, E.; KEMPTHORNE, O.; BAILEY, I. *Proceedings International Conference on Quantitative Genetics*. IOWA STATE UNIVERSITY PRESS, Ames, IOWA. 1977, p. 615-638.
- HENDERSON, C.R. *Applications of Linear Models in Animal Breeding*. University of Guelph, Ontário, Canadá. 1984. 462p.
- RESENDE, M.D.V. de; HIGA, A.R. Estimación de valores genéticos no melhoramento do *Eucalyptus*: Seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e seus parentes. *Boletim de Pesquisa Florestal*, 1992. (no prelo).
- RESENDE, M.D.V. de; HIGA, A.R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. 1993. (Em preparação).
- RESENDE, M.D.V. de; HIGA, A.R.; LAVORANTI, O.J. Regressão geno-fenotípica multivariada e maximização do progresso genético em programas de melhoramento de *Eucalyptus*. 1993. (Em preparação).
- WHITE, T.L.; HODGE, G.R. *Predicting breeding values with applications in forest tree improvement*. Kluwer, 1989. 367 p.
- WHITE, T.L.; HODGE, G.R.; DELORENZO, M.A. Best linear prediction of breeding values in forest tree improvement. In *Proceedings Statistical considerations in genetic testing of forest trees*. University of Florida, Gainesville, 1986, p. 99-122.