

# **CORREÇÕES NAS EXPRESSÕES DO PROGRESSO GENÉTICO COM SELEÇÃO EM FUNÇÃO DA AMOSTRAGEM FINITA DENTRO DE FAMÍLIAS E POPULAÇÕES E IMPLICAÇÕES NO MELHORAMENTO FLORESTAL**

Marcos Deon Vilela de Resende\*

## **RESUMO**

No presente trabalho, são derivadas as expressões de ganho para os processos de seleção intrapopulacional em espécies alógamas, com base em progênies não endógamas, visando fornecer aos melhoristas florestais as expressões biométricas adequadas a cada situação, visto que uma única expressão tem sido aplicada de forma generalizada. Foram enfocados os métodos seleção entre e dentro de progênies com e sem sementes remanescentes, e seleção de parentais, que correspondem à transformação dos experimentos em pomares de sementes por mudas ou estabelecimento de pomares clonais, e pomares testados, respectivamente. Os resultados revelaram que a não adoção da expressão correta para a estimativa do progresso genético pela seleção entre progênies tem levado à não distinção, em termos de potencial genético, dos métodos de seleção com e sem sementes remanescentes, quando o número de plantas por família é baixo. Nessa mesma situação, a não adoção da expressão correta para a estimação do progresso genético dentro de progênies com base no diferencial de seleção padronizado tem conduzido à superestimativas desses ganhos. As correções nas expressões do progresso genético apresentadas devem ser adotadas pelos melhoristas, pois a não adoção pode estar conduzindo, em alguns casos, a estratégias não totalmente corretas.

**PALAVRAS-CHAVE:** Covariância entre parentes, amostragem genética, modelos lineares aplicados, tamanho de família, métodos de melhoramento.

## **CORRECTIONS ON THE GENETIC GAIN FORMULAE AS FUNCTION OF THE FINITE SAMPLING WITHIN FAMILIES AND POPULATIONS AND IMPLICATIONS FOR FOREST TREE BREEDING**

### **ABSTRACT**

In the present work, the gain formulae for the intrapopulational selection methods based in non inbred families of the allogamous species were derived. It was carried out aiming to provide the breeder with the adequate formulas to be used in each situation, because one has been used in a generalized way. The methods

---

\* Eng.- Agrônomo, M.Sc., CREA n° 50602/D, Pesquisador da EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas.

family/within family with and without remnant seed as well as progeny testing were considered. These methods correspond to transformation of the experiments in clonal or seedling seed orchards, and tested clonal orchards, respectively. The results showed that use of the incorrect gain formulas of the family selection method has been led to not discrimination of the potencial genetic of the methods with and without remnant seeds, for situations of small number of progeny per family. For within family selection, however, the use of incorrect formulas has led to overestimates of the gain. The correction presented must be used, because the incorrect formulas can lead to inadequate breeding strategies.

**KEY-WORDS:** Covariance of relatives; genetic sampling, applied linear models, family size, breeding methods.

## **1. INTRODUÇÃO**

A seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos (polinização aberta) tem sido usada extensivamente no melhoramento florestal no Brasil, principalmente em função da facilidade prática de obtenção deste tipo de família.

Estimativas de parâmetros genéticos e predição de ganhos a partir dos testes de progênies tem sido utilizados como subsídios na definição de estratégias de melhoramento mais adequadas.

Porém, as expressões empregadas muitas vezes não são as mais adequadas ao tipo de seleção praticada. Isto porque tem-se aplicado de maneira generalizada a expressão indicada para famílias avaliadas com número muito alto (tendendo ao infinito) de indivíduos, expressão essa que também é indicada, independentemente do número de indivíduos por família, para esquemas com recombinação através de sementes remanescentes.

No Brasil, o esquema de melhoramento mais comum é a transformação do experimento em pomar de sementes por mudas, ou seja, com recombinação dos próprios indivíduos avaliados, conforme foi relatado por (KAGEYAMA, 1980). E nesses casos (KAGEYAMA, 1977; KAGEYAMA, 1980; KAGEYAMA et alli, 1982; KAGEYAMA & VENCOVSKY, 1983; KIKUTI, 1988; MORAES, 1987; MORI et alli, 1988), têm sido empregadas expressões simplificadas (adequadas quando o número de indivíduos por família é muito alto) na estimação dos progressos genéticos. Assim, o objetivo deste trabalho é apresentar as expressões biométricas adequadas à estimação de progressos genéticos para alguns esquemas de seleção mais comuns no melhoramento florestal no Brasil, de forma que as mesmas possam ser aplicadas corretamente pelos melhoristas, em função do método de melhoramento empregado.

## **2. MATERIAL E MÉTODOS**

A metodologia utilizada para derivar as expressões mais adequadas a cada esquema de seleção, baseia-se na covariância entre a unidade de seleção e um indivíduo da população melhorada, conforme apresentado por (VENCOVSKY, 1969).

A expressão geral do progresso genético esperado com seleção corresponde a:

$$G_s = K \text{COV}(X,Y) / \sigma_x, [1] \text{ onde:}$$

**K** - diferencial de seleção padronizado, o qual é função da % de indivíduos selecionados

**COV(X,Y)** - covariância entre a unidade de seleção (X) e um indivíduo da população melhorada (Y)

**$\sigma_x$**  - desvio padrão da unidade de seleção

O desvio padrão da unidade de seleção advém da variância daquilo que é avaliado e medido e, portanto, não se altera em função do esquema de seleção utilizado (com ou sem sementes remanescentes ou seleção do parental).

Por outro lado, COV(X,Y) varia em função do esquema de seleção e deve ser particularizado para cada caso, conforme segue.

a) Seleção entre famílias - esquema sem sementes remanescentes.

Em um experimento com repetições e várias plantas por parcela (Modelo linear  $X_{ijk} = u + P_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk}$ , onde os efeitos correspondem à média geral, progênie, bloco, parcela e indivíduo dentro de parcela, respectivamente, todos aleatórios com exceção da média), a seleção entre famílias baseia-se no desvio da média de cada progênie  $i$  ( $\bar{X}_i \dots$ ) em relação à média de todas as progênies ( $\bar{X} \dots$ ), ou seja,  $X = \bar{X}_i \dots - \bar{X} \dots$ . Assim,  $\text{COV}(X,Y) = \text{COV}[Y, (\bar{X}_i \dots - \bar{X} \dots)] = \text{COV}(Y, \bar{X}_i \dots) - \text{COV}(Y, \bar{X} \dots)$ .

A progênie  $i$  é constituída de meios-irmãos (considerando a espécie como alógama), num total de  $N = nb$  indivíduos, onde  $b$  é o número de repetições e  $n$  o número de plantas por parcela. Um dos  $N$  indivíduos é mãe de  $Y$  e os demais são meios tios de  $Y$ . Dessa forma, num ensaio contendo  $P$  progênies tem-se:

$$\text{COV}(Y, \bar{X}_i \dots) = 1/N[(\text{COV}(\text{MF}) + (N-1)\text{COV}(\text{MTS}))], \text{ onde:}$$

COV (MF) - covariância mãe-filho, e

COV (MTS) - covariância meio-tio-sobrinho

também:

$$\text{COV}(Y, \bar{X} \dots) = 1/NP[\text{COV}(\text{MF}) + (N-1)\text{COV}(\text{MTS})]$$

Com  $NP$  relativamente alto, o termo  $\text{COV}(Y, \bar{X} \dots)$  tende a zero. Por exemplo, com  $P=20$  progênies (com número de progênies abaixo deste, não se recomenda a estimação de parâmetros genéticos) e com  $N=10$  indivíduos (número mínimo aceitável para representar uma progênie) o termo  $\text{COV}(Y, \bar{X} \dots)$  equivale a 0.008 o qual pode ser considerado desprezível. Vale ressaltar que, na prática do

melhoramento florestal, tem-se adotado N bem superior a 10, e o número de progênies ao redor de 20 é comum apenas na primeira geração (introdução), sendo bastante superior nas demais. Assim sendo, tem-se:

$COV(X,Y) = 1/N[(1/2) \sigma_A^2 + (N-1)(1/8) \sigma_A^2]$ , para a seleção entre famílias de meios-irmãos em cada sexo, ou seja, a  $COV(X,Y)$  equivale a  $[(3+N)/8N] \sigma_A^2$  para seleção em apenas um sexo, e equivale a  $[(3+N)/4N] \sigma_A^2$  para a seleção em ambos os sexos, onde  $\sigma_A^2$  é a variância genética aditiva.

De maneira generalizada, para a seleção entre famílias em ambos os sexos, a expressão equivale a  $COV(X,Y) = [1+(N-1)r]/N \sigma_A^2$  [2] conforme já relatado por (FALCONER, 1964), onde r é 2 vezes o coeficiente de parentesco entre indivíduos do tipo de família considerada, ou seja, equivale a (1/4) para meios-irmãos e (1/2) para irmãos germanos.

Entretanto, é também interessante derivar esta covariância para casos de P muito pequeno, de forma a se obter uma expressão geral aplicável a qualquer caso, independentemente do número de progênies avaliadas. Neste caso,  $COV(X,Y) = 1/N COV(MF) + (N-1)/N COV(MTS) - 1/NP COV(MF) - (N-1)/NP COV(MTS) = (1/N - 1/NP) COV(MF) + [(N-1)/N - (N-1)/NP] COV(MTS) = (P-1)/P[1/N COV(MF) + (N-1)/N COV(MTS)]$

Assim,  $COV(X,Y) = (P-1)/P [1/N(1/2)\sigma_A^2 + (N-1)/N(1/8)\sigma_A^2]$  para a seleção em um sexo e, de maneira geral, para seleção em ambos os sexos,  $COV(X,Y) = (P-1)/P [1+(N-1)r]/N\sigma_A^2$ . [3]

b) Seleção entre famílias - esquema com sementes remanescentes.

Neste caso, a mãe do indivíduo da população melhorada não contribui para a média da progênie selecionada, e portanto  $COV(X,Y) = COV(Y, \bar{X}_{i..}) = N/N COV(MTS)$ . Isto desprezando-se o termo  $COV(Y, \bar{X}_{i..})$ , pelas razões apresentadas no item anterior. Em suma,  $COV(X,Y) = COV(MTS) = (1/8)\sigma_A^2$  para seleção entre progênies de meios-irmãos, em um sexo, e  $COV(X,Y) = 2 COV(MTS) = (1/4)\sigma_A^2$  para a seleção em ambos os sexos. De maneira generalizada, para a seleção em ambos os sexos,  $COV(X,Y) = r \sigma_A^2$  [4], conforme apresentado por (FALCONER, 1964).

Para número finito de progênies,  $COV(X,Y) = N/N COV(MTS) - N/NP COV(MTS) = (P-1)/P COV(MTS)$  para a seleção entre progênies em um sexo. De maneira geral, para a seleção em ambos os sexos,  $COV(X,Y) = (P-1)/P r \sigma_A^2$ . [5]

c) Seleção de parental com base em teste de progênies.

Neste caso, com teste de progênies de meios-irmãos,  $COV(X,Y) = COV(Y, \bar{X}_{i..}) = COV(MI)$  onde  $COV(MI)$  é a covariância de meios-irmãos. Assim  $COV(X,Y) = COV(MI) = 1/4 \sigma_A^2$  para seleção em um sexo, e  $COV(X,Y) = 2 COV(MI) = 1/2 \sigma_A^2$  [6] para seleção em ambos os sexos. Para número finito de progênies,  $COV(X,Y) = N/N COV(MI) - N/NP COV(MI) = (P-1)/P COV(MI)$  para a seleção em um sexo e  $(P-1)/P(1/2) \sigma_A^2$  [7] para a seleção em ambos os sexos.

Nesse mesmo caso, para teste de progênies de irmãos germanos, valem as mesmas expressões apresentadas para meios-irmãos.

d) Seleção dentro de progênes.

A seleção dentro de progênes baseia-se no desvio entre a observação individual ( $X_{ijk}$ ) e a média da progênes em um só bloco ( $\bar{X}_{ij\cdot}$ ), de forma que  $X = X_{ijk} - \bar{X}_{ij\cdot}$ .

Assim:

$$\text{COV}(X, Y) = \text{COV}[Y, (X_{ijk} - \bar{X}_{ij\cdot})] = \text{COV}(Y, X_{ijk}) - \text{COV}(Y, \bar{X}_{ij\cdot})$$

Um indivíduo Y da população melhorada é filho do indivíduo  $ijK$ , de forma que:

$$\text{COV}(Y, X_{ijk}) = \text{COV}(\text{MF}) \text{COV}(Y, X_{ij\cdot}) = 1/n[\text{COV}(\text{MF}) + (n-1) \text{COV}(\text{MTS})]$$

Assim,

$\text{COV}(X, Y) = 1/2 \sigma_A^2 - 1/n[(1/2) \sigma_A^2 + (n-1)(1/8) \sigma_A^2] = [(3n-3)/8n] \sigma_A^2$ , para seleção dentro de progênes de meios-irmãos em um sexo, e  $\text{COV}(X, Y) = [(3n - 3)/4n] \sigma_A^2$ , para seleção dentro de progênes de meios-irmãos nos dois sexos.

De maneira geral, para a seleção dentro de progênes, a expressão equivale a  $\text{COV}(X, Y) = \{(n-1)(1-r)/n\} \sigma_A^2$ . [8]

Na seleção dentro, a expressão é comum aos dois esquemas de seleção (com e sem sementes remanescentes), pois, em ambos os casos, a seleção é baseada no desvio X acima mencionado, o qual depende do valor individual e da média da família na parcela de seleção, na qual o valor individual se encontra embutido.

e) Variâncias das unidades de seleção ( $\sigma_x^2$ ).

A unidade de seleção entre progênes é ( $\bar{X}_{i\cdot\cdot} - \bar{X}\dots$ ). Assim, a sua variância (Var) equivale a  $\text{Var}(\bar{X}_{i\cdot\cdot} - \bar{X}\dots) = E(\bar{X}_{i\cdot\cdot} - \bar{X}\dots)^2 = E[\bar{X}_{i\cdot\cdot}^2 - 2(\bar{X}_{i\cdot\cdot}\bar{X}\dots) + \bar{X}\dots^2] = \text{Var}(\bar{X}_{i\cdot\cdot}) - 2 \text{Var}(\bar{X}\dots) + \text{Var}(\bar{X}\dots) = (P-1)/P (\sigma_p^2 + \sigma_b^2/b + \sigma_d^2/nb)$ , valor este que tende a  $\sigma_p^2 + \sigma_b^2/b + \sigma_d^2/nb$  para número suficientemente grande de progênes. [9]

A unidade de seleção dentro de progênes é ( $X_{ijk} - \bar{X}_{ij\cdot}$ ) e sua variância corresponde a  $\text{Var}(X_{ijk} - \bar{X}_{ij\cdot}) = E(X_{ijk}^2 - 2(X_{ijk}\bar{X}_{ij\cdot}) + \bar{X}_{ij\cdot}^2) = \text{Var}(X_{ijk}) - \text{Var}(\bar{X}_{ij\cdot}) = (\sigma_p^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2) - (\sigma_p^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2/n) = (1 - 1/n) \sigma_d^2$ . [10]

Nas derivações acima,  $\sigma_p^2$ ,  $\sigma_b^2$ ,  $\sigma_e^2$  e  $\sigma_d^2$  representam as variâncias entre progênes, entre blocos, ambiental a nível de parcelas e entre plantas dentro de parcelas, respectivamente.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

No Apêndice 3, são derivadas expressões alternativas adequadas às situações de experimentação com uma planta por parcela, expressões essas idênticas às apresentadas por (FALCONER, 1960) para o delineamento inteiramente casualizado (Apêndice 2), as quais são amplamente utilizadas no melhoramento animal.

As expressões adequadas às duas modalidades de seleção (com e sem sementes remanescentes) são apresentadas na Tabela 1. Para as expressões adequadas a situações de números de progênies muito baixos, veja-se o Apêndice 1.

**TABELA 1. Expressões adequadas a duas modalidades de seleção entre e dentro de progênies não endógamas, em ambos os sexos\*.**

	Seleção entre	Seleção dentro
Com sementes remanescentes	$G_s = Kr \sigma_A^2 / \sigma_x$	$G_s = K(1-1/n)^{1/2}(1-r) \sigma_A^2 / \sigma_{xd}$
Sem sementes remanescentes	$G_s = K[1+(N-1)r]/N \sigma_A^2 / \sigma_x$	$G_s = K(1-1/n)^{1/2}(1-r) \sigma_A^2 / \sigma_{xd}$

\* Toda a simbologia apresentada na Tabela encontra-se especificada na metodologia:  
 $\sigma_x = (\sigma_p^2 + \sigma_b^2 / b + \sigma_d^2 / nb)^{1/2}$  e  $\sigma_{xd} = (\sigma_d^2)^{1/2}$ , pois a correção  $(1-1/n)^{1/2}$  cancela-se com a mesma fração do numerador.

Para a seleção entre progênies tem-se usado, no Brasil, generalizadamente, a expressão apresentada na Tabela 1, correspondente a seleção com sementes remanescentes e, na seleção dentro de progênies com base no diferencial de seleção em unidades de desvio padrão, não tem sido adotada a correção em função do número de plantas por parcela (n).

Na Tabela 2, são apresentadas as expressões adequadas à seleção especificamente com progênies de meios-irmãos, as quais são mais comumente adotadas no Brasil.

**TABELA 2. Expressões adequadas às duas modalidades de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, em ambos os sexos\*.**

	Seleção entre	Seleção dentro
Sem sementes remanescentes	$G_s = K[(3+N)/4N] \sigma_A^2 / \sigma_X$	$G_s = K[(1-1/n)^{1/2}(3/4)] \sigma_A^2 / \sigma_{Xd}$
Com sementes remanescentes	$G_s = K(1/4) \sigma_A^2 / \sigma_X$	$G_s = K[(1-1/n)^{1/2}(3/4)] \sigma_A^2 / \sigma_{Xd}$

\* Toda a simbologia apresentada na Tabela encontra-se na metodologia:

$$\sigma_X = (\sigma_p^2 + \sigma_e^2/b + \sigma_d^2/nb)^{1/2} \text{ e } \sigma_{Xd} = (\sigma_d^2)^{1/2}.$$

Na Tabela 3, são apresentadas as expressões adequadas a seleção de parentais com base em teste de suas progênies.

**TABELA 3. Expressões adequadas a seleção em ambos os sexos, de parentais com base em testes de dois tipos de progênies\*.**

Progênies de Meios-irmãos	$G_s = K(1/2) \sigma_A^2 / \sigma_X$
Progênies de Irmãos germanos	$G_s = K(1/2) \sigma_A^2 / \sigma_X$

\* Simbologia encontra-se descrita na metodologia:  $\sigma_X = (\sigma_p^2 + \sigma_e^2/r + \sigma_d^2/nb)^{1/2}$ ;  $\sigma_p^2$  contém  $1/2 \sigma_A^2 + 1/4 \sigma_D^2$  e  $1/4 \sigma_A^2$ , para irmãos germanos e meios-irmãos respectivamente, onde  $\sigma_D^2$  é a variância genética dominante.

O esquema de seleção de parentais com base em teste de suas progênies é muito utilizado no melhoramento florestal, principalmente para desbastes em pomares de sementes clonais, por exemplo para formação do pomar clonal de 1,5 geração. Verifica-se pela Tabela 3, que as expressões para cálculo de ganhos genéticos, nesse caso, independem (nos seus numeradores) do número de plantas por família. Constata-se também que a seleção com base em progênies de irmãos germanos é a menos indicada, pois, além de ser de mais difícil obtenção, deverá concorrer para um menor ganho do que aquela baseada em meios-irmãos, devido à maior variância fenotípica entre médias de famílias em relação à de meios-irmãos. Maiores detalhes referentes à seleção de parentais são apresentados no Apêndice 4.

Visando verificar as implicações da não consideração do tamanho da família, nos cálculos dos progressos genéticos em programas de melhoramento florestal, foram realizadas algumas simulações com base em experimento com famílias de meios-irmãos.

Na Tabela 4, são apresentados os valores dos multiplicadores (advindos de covariância entre a unidade de seleção e um indivíduo de população melhorada) da variância genética aditiva no numerador da expressão do ganho pela seleção entre famílias sem sementes remanescentes, os quais variam em função do

tamanho (N) da família. Também são apresentadas estimativas de herdabilidade ao nível de médias de família, para a seleção com e sem sementes remanescentes, utilizando-se estimativas de componentes de variância para altura, apresentadas por (KAGEYAMA, 1980).

**TABELA 4. Multiplicadores (c) da variância genética aditiva no numerador da expressão do progresso genético pela seleção entre famílias sem sementes remanescentes, em função do tamanho (N) da família, e estimativas de ( $h^2$ ) ao nível de médias de famílias para a seleção com (CR) e sem (SR) sementes remanescentes.**

N	C	$h^2_{SR}(\%)$	$h^2_{CR}(\%)$
2	0.625	38.7	15.5
3	0.500	41.2	20.6
4	0.438	43.4	24.8
5	0.400	45.0	28.1
10	0.325	50.3	38.7
20	0.288	54.8	47.6
30	0.275	56.7	51.5
60	0.263	59.2	56.3
100	0.258	59.4	57.6
200	0.254	61.3	60.4

Analisando-se a Tabela 4, verifica-se que quanto menor o número de plantas por família, maior é o multiplicador da variância genética aditiva e que este tende a 1/4 com N tendendo ao infinito. Por outro lado, verifica-se pelas estimativas de herdabilidade que é mais vantajoso trabalhar com altos valores de N, o que concorre para a diminuição da variância fenotípica (o que já é amplamente sabido).

Comparando-se as herdabilidades para a seleção com e sem sementes remanescentes, verifica-se que existe, para baixos valores de N, uma grande diferença de magnitude das mesmas, diferença essa que tende a se atenuar com o aumento de N (Tabela 4). No apêndice 5, são apresentados os estimadores para as herdabilidades associadas às seleções entre famílias sem sementes remanescentes, entre famílias com sementes remanescentes, dentro de famílias e seleção de parentais.

Porém, no meio florestal tem sido adotado comumente N por volta de 30 (KAGEYAMA, 1977; KAGEYAMA, 1980; KAGEYAMA et alii, 1982; KAGEYAMA & VENCOVSKY, 1983; MORAES, 1987; KIKUTTI, 1988) para os caracteres de crescimento (altura, diâmetro e volume). Nesse caso, observa-se que a adoção da expressão inadequada levou a uma subestimação das herdabilidades ao nível de médias de família e, conseqüentemente, do progresso genético esperado com seleção. Por exemplo, para altura, a herdabilidade encontrada por (KAGEYAMA,

1980) esteve subestimada em 5,2 pontos percentuais.

Entretanto, para outros caracteres, como densidade da madeira, as amostragens por famílias têm sido bem menores. Por exemplo, (KAGEYAMA et alii, 1982) trabalhou com 12 a 18 plantas por família, valores esses que poderiam, de acordo com a simulação apresentada na Tabela 4, conduzir a subestimações de 7 a 12% (considerando a herdabilidade para densidade semelhante à verificada para altura).

Tratando-se de subestimações, os erros cometidos não conduzem a maiores problemas, se realmente são dotadas as seleções com recombinação no próprio teste (pomares de sementes por mudas). Por outro lado, se são adotados esquemas com sementes remanescentes, as perdas na seleção entre famílias (se são praticados valores baixos de N), em relação aos esquemas sem sementes remanescentes, são evidentes.

Alguns esquemas com a utilização de sementes remanescentes têm sido propostos no Brasil. MORI et alii, (1988) sugerem a utilização de parcelas maiores próximas ao experimento (fora do delineamento experimental), para a seleção dentro de progênies. Segundo esses autores, pode-se, dessa maneira, aumentar o número de indivíduos dentro de progênies e conseqüentemente a intensidade de seleção e o progresso genético total esperado. No entanto, na utilização deste método, deve-se levar em conta também as perdas que ocorrerão na seleção entre progênies, pelo fato de não serem recombinados os indivíduos que foram avaliados e que contribuíram para a média das famílias. Num exercício realizado a partir dos dados apresentados por (KAGEYAMA, 1980), pode-se verificar que a duplicação da proporção de seleção dentro (de 1:5 para 1:10) pela seleção e recombinação com plantas fora do experimento conduziu a uma ganho (seleção entre + dentro) de 10% contra 9,2% obtido pela seleção no próprio teste. Verifica-se, assim, que a duplicação da população de seleção dentro de progênies quase não contribuiu para o aumento da eficiência do processo seletivo, e talvez não tenha compensado o esforço adicional. Isto ocorreu para  $N = 30$  indivíduos por família e com N's menores é provável que ocorram até diminuições no progresso esperado (dependendo de N). Assim sendo, na adoção de determinados métodos com sementes remanescentes, devem ser cheçadas as conseqüências em termos de progresso genético, sobretudo quando se utilizam baixos números de indivíduos por família, nos experimentos.

Os comentários realizados não denotam que a seleção fora do experimento não deva ser realizada, de maneira geral. Este tipo de seleção apresenta aspectos práticos bastante interessantes para o melhorista, tais como a possibilidade de seleção precoce e estabelecimento de pomares clonais e posterior confirmação da eficiência da seleção na idade adulta. Possibilita também a aplicação de métodos destrutivos no experimento, para a avaliação de determinados caracteres tais como a capacidade de rebrota e densidade da madeira.

A não adoção da correção para a herdabilidade entre famílias, também tem reflexo na seleção combinada (RESENDE & HIGA, 1991), pois, nesse caso, menor peso será dado à informação de família, do que deveria ser dado.

Quanto à seleção dentro, a não adoção da correção em função de  $(1 - 1/n)$  tem levado (quando n é baixo) a superestimativas do ganho genético dentro, ou seja, de fato os ganhos a serem realizados, provavelmente serão menores do que os calculados. É importante ressaltar que essa correção faz-se necessária somente quando se trabalha com o diferencial de seleção padronizado k.

Trabalhando-se com o próprio diferencial de seleção observado, o termo  $(1 - 1/n)$  em [8] cancela o mesmo termo em [10].

É importante mencionar que todas as correções apresentadas, devem ser adotadas também quando se trabalha com covariâncias genéticas entre caracteres e com respostas correlacionadas na seleção.

#### 4. CONCLUSÕES

As expressões biométricas utilizadas no Brasil, para determinação dos progressos genéticos com a formação de pomares de sementes por mudas, não são as mais adequadas.

A não adoção da expressão correta para a estimação do progresso genético pela seleção entre progênies tem levado à não distinção, em termos de potencial genético, dos métodos de seleção com e sem sementes remanescentes, quando o número de plantas por família é baixo.

Quando o número de plantas na parcela de seleção é baixo, a não adoção da expressão correta para a estimação do progresso genético dentro de progênies tem conduzido à superestimativas desses ganhos.

As correções na expressão do progresso genético apresentadas devem ser adotadas pelos melhoristas, pois a não adoção, em alguns casos, podem estar conduzindo a estragégias não totalmente corretas.

#### AGRADECIMENTOS

O autor agradece aos professores Dr. Magno Antônio Patto Ramalho da ESAL - Lavras-MG e Dr. José Sebastião Cunha Fernandes da UFPR - Curitiba-PR, pelos comentários ao trabalho.

#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

FALCONER, D.A. **Introduction to quantitative genetics**. New York: The Ronald Press Co., 1964. 365p.

KAGEYAMA, P.Y.; SPELTZ, R.M.; SILVA, A.P; FERREIRA, M. Variação genética entre e dentro de progênies de *Pinus patula* Schiede & Deppe na região de Telêmaco Borba-PR. **IPEF**, Piracicaba, v.15, p.21-39, 1977.

KAGEYAMA, P.Y. **Variação genética em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden**. Piracicaba: ESALQ, 1980. 125p. Tese Doutorado.

KAGEYAMA, P.Y; MORA, A.L.; BARRICHELO, L.E.G.; MIGLIORINI, A.J.; SANSIGOLO, C.A. Variação genética para densidade de madeira em progênies de *Eucalyptus grandis*: **Silvicultura**, São Paulo, v.8, n.28, p.318-324, 1982.

KAGEYAMA, P.Y.; VENCOSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **IPEF**, Piracicaba, v.24, p.9-26, 1983.

KIKUTI, P. **Parâmetros genéticos em progênies de meios irmãos e clonais numa população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden na região de Telêmaco Borba-PR**. Piracicaba: ESALQ, 1988. 119p. Tese Mestrado.

- MORAES, M.L.T. de. **Varição genética da densidade básica da madeira em progênies de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden e suas relações com as características de crescimento.** Piracicaba: ESALQ, 1987. 115p. Tese Mestrado.
- MORI, E.S.; KAGEYAMA, P.Y.; FERREIRA, M. Varição genética e interação progênie x locais em *Eucalyptus urophylla*. **IPEF**, Piracicaba, v.39, p.53-63, 1988.
- RESENDE, M.D.V de; HIGA, A.R. Estimção de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus* - Seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, 1991. (no prelo)
- VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W.E. **Melhoramento e genética.** São Paulo: Ed. da USP/Melhoramentos, 1969.p.1-17.

## APÊNDICE I

### EXPRESSÕES DE GANHO ADEQUADAS ÀS DUAS MODALIDADES DE SELEÇÃO ENTRE PROGÊNIES E A SELEÇÃO DE PARENTAIS COM BASE EM TESTE DE SUAS PROGÊNIES, QUANDO O NÚMERO DE FAMÍLIAS AVALIADAS É BAIXO

Modalidade	Expressão Biométrica
Seleção entre com sementes remanescentes	$G_s = K[(1 - 1/p)^{1/2}] \sigma_A^2 / \sigma_X$
Seleção entre sem sementes remanescentes	$G_s = K[(1 - 1/p)^{1/2} [1 + (N-1)r_i/N]] \sigma_A^2 / \sigma_X$
Seleção de parentais	$G_s = K[(1 - 1/p)^{1/2} (1/2)] \sigma_A^2 / \sigma_X$

$\sigma_X = (\sigma_p^2 + \sigma_e^2/b + \sigma_d^2/nb)^{1/2}$  e demais termos estão definidos na metodologia.

É interessante ressaltar que, na seleção com base no diferencial de seleção observado e não padronizado, não se fazem necessárias as correções em função de  $(1 - 1/p)$ , pois este termo em [3], [5] e [7] equivalentes à seleção entre sem sementes remanescentes, entre com sementes remanescentes e de parentais, respectivamente, cancelam com o mesmo termo em [9].

## APÊNDICE II

### EXPRESSÕES DE GANHO ADEQUADAS ÀS SITUAÇÕES DE EXPERIMENTAÇÃO NO DELINEAMENTO INTEIRAMENTE CASUALIZADO COM UM INDIVÍDUO POR PARCELA

No delineamento inteiramente casualizado com um indivíduo por parcela (o qual é muito empregado no melhoramento animal), o modelo matemático equivale a  $X_{ij} = u + P_i + e_{ij}$  onde  $u$  é a média geral fixa e  $P_i$  e  $e_{ij}$  são os efeitos aleatórios de famílias e indivíduos dentro de famílias, respectivamente. Neste caso, a variância da unidade de seleção entre famílias é  $\text{Var}(\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{..}) = (P - 1)/P(\sigma_p^2 + \sigma_e^2/N)$ , onde  $N$  é o número total de indivíduos na família. A variância da unidade de seleção dentro de famílias equivale a  $\text{Var}(X_{ij} - \bar{X}_{i.}) = (N - 1)/N \sigma_e^2$ .

Demonstra-se a seguir, que a variância de médias ( $s^2_{\bar{X}}$ ) de entradas (famílias, clones, etc.) equivale a  $\frac{1+(N-1)t}{N} \sigma_X^2$ ,

pois:

$$\sigma_{\bar{x}}^2 = V[1/N(X_1 + X_2 + \dots + X_N)] = 1/N^2[N\sigma_x^2 + N(N-1)\sigma_{xixj}] = 1/N[\sigma_x^2 + (N-1)\sigma_{xixj}].$$

Como a correlação entre duas avaliações quaisquer, em uma mesma entrada, equivale a  $t = \sigma_{xixj} / \sigma_x^2$  tem-se  $\sigma_{xixj} = t\sigma_x^2$  e portanto:

$$\sigma_{\bar{x}}^2 = 1/N[\sigma_x^2 + (N-1)t\sigma_x^2]. \quad \text{Desenvolvendo a expressão, tem-se}$$

$$\sigma_{\bar{x}}^2 = [1 + (N-1)t/N]\sigma_x^2 = \sigma_p^2 + \sigma_e^2/N \quad \text{onde } t = \sigma_p^2 / (\sigma_p^2 + \sigma_e^2). \quad [11]$$

Assim, com P assumindo valores altos ( $1 - 1/P = 1$ ), pode-se apresentar a variância fenotípica da unidade de seleção entre famílias, em função do coeficiente de correlação intraclasse t (entre indivíduos de uma mesma família), do número de plantas por família N e da variância fenotípica a nível de indivíduo ( $\sigma_x^2 = \sigma_p^2 + \sigma_e^2$ ).

Por outro lado, conforme demonstrado acima, a variância fenotípica da unidade de seleção dentro de famílias equivale à variância fenotípica a nível de indivíduo menos a variância fenotípica ao nível de médias. Dessa forma,

$$\sigma_{x_d}^2 = \sigma_x^2 - \sigma_{\bar{x}}^2 = \sigma_x^2 - [1 + (N-1)t/N]\sigma_x^2 \quad \text{e portanto,}$$

$$\sigma_{x_d}^2 = [(N-1)(1-t)/N]\sigma_x^2 = (N-1)/N\sigma_e^2 \quad [12]$$

Dessa forma, de [2] e [11] obtém-se a herdabilidade para a seleção entre famílias sem sementes remanescentes, a qual equivale a

$$\frac{[1 + (N-1)r]\sigma_A^2}{[1 + (N-1)t]\sigma_x^2} = \frac{[1 + (N-1)r]}{[1 + (N-1)t]} h_i^2$$

onde  $h_i^2$  é a herdabilidade a nível de indivíduo.

Analogamente, de [8] e [12], obtém-se a herdabilidade para a seleção dentro de famílias, que equivale a

$$\frac{(1-r)\sigma_A^2}{(1-t)\sigma_x^2} = \frac{(1-r)}{(1-t)} h_i^2$$

De [4] e [11] obtém-se a expressão da herdabilidade para a seleção entre famílias com sementes remanescentes, a qual equivale a  $Nr/[1 + (N-1)t] h_i^2$ . É importante mencionar que  $t = rh_i^2$ .

Na Tabela abaixo são apresentadas as expressões para cálculo de ganhos com base em diferencial de seleção padronizado.

Modalidade	Expressão Biométrica*
Seleção entre com sementes remanescentes	$G_s = K \sigma_x^2 h_i^2 Nr / \{N[1 + (N - 1)t]\}^{1/2}$
Seleção entre sem sementes remanescentes	$G_s = K \sigma_x^2 h_i^2 [1 + (N - 1)r] / \{N[1 + (N - 1)t]\}^{1/2}$
Seleção dentro de progênies	$G_s = K \sigma_x^2 h_i^2 (1-r) \cdot \{(N - 1) / [N(1 - t)]\}^{1/2}$

\* No numerador das expressões dos ganhos pela seleção entre progênies, deprezou-se o termo  $(1 - 1/P)^{1/2}$ , admitindo-se P suficientemente grande.

Essas expressões de ganho são idênticas àquelas apresentadas por (FALCONER, 1960). Para a seleção de parentais com base em teste de progênie, deve-se substituir o r da expressão para seleção com sementes remanescentes por 1/2.

### APÊNDICE III

#### EXPRESSÕES DE GANHO ADEQUADAS ÀS SITUAÇÕES DE EXPERIMENTAÇÃO NO DELINEAMENTO DE BLOCOS CASUALIZADOS COM 1 INDIVÍDUO POR PARCELA

No delineamento de blocos casualizados com uma planta por parcela, o modelo matemático é  $X_{ij} = u + p_i + b_j + e_{ij}$ , onde u é a média geral fixa, e  $p_i$ ,  $b_j$ ,  $e_{ij}$ , são os efeitos aleatórios de progênie, bloco e parcelas, respectivamente.

A variância da unidade e de seleção entre progênies é  $\text{Var}(\bar{X}_{.j} - \bar{X}_{..}) = (P - 1)/P (\sigma_p^2 + \sigma_e^2/N)$  e da unidade de seleção dentro de progênies é  $\text{Var}(X_{ij} - \bar{X}_{i.}) = (\sigma_e^2 + \sigma_b^2) (N - 1)/N$ . Por outro lado, adotando-se uma correção para os efeitos de blocos, ou seja, subtraindo do modelo  $(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})$ , tem-se que os valores individuais equivalem a  $X_{ij} - \bar{X}_{.j} + \bar{X}_{..}$  e a variância fenotípica a nível de indivíduo equivale  $\sigma_p^2 + \sigma_e^2$  (para valores suficientemente altos de N e P). A variância da unidade de seleção dentro de progênies equivale  $\text{Var}(X_{ij} - \bar{X}_{.j} + \bar{X}_{..} - \bar{X}_{i.}) = \frac{(P-1)}{P} \frac{(N-1)}{N} \sigma_e^2$  ou seja, inferior àquela obtida sem a correção dos dados, o que é desejável.

Dessa forma, com a correção para os efeitos de blocos antes da seleção dentro e com P suficientemente alto, as expressões para cálculo das herdabilidades e progressos genéticos com a seleção entre e dentro de progênies para o delineamento de blocos casualizados com uma planta por parcela, equivalem àquelas descritas para o delineamento inteiramente casualizado com

uma planta por parcela.

## APÊNDICE IV

### CONSIDERAÇÕES A RESPEITO DA SELEÇÃO EM AMBOS OS SEXOS

Na seleção em ambos os sexos, o diferencial de seleção associado a determinada entrada é capitalizado duas vezes, pois é repassado para a descendência via gametas masculinos e femininos. Dessa forma, a herdabilidade (aqui definida como fração do diferencial de seleção que é retido na descendência) associada ao diferencial de seleção é duplicada. Entretanto, especialmente no caso da seleção de parentais com base em testes de suas progênes de meios irmãos, aparece a possibilidade da herdabilidade ultrapassar o valor 1,0 (fato este que é incoerente com a definição do parâmetro), pois a fração da variância aditiva no numerador da expressão da mesma é superior (no caso o dobro) à fração da mesma variância no denominador (considerando apenas a fração integral da variância aditiva, ou seja, aquela não sujeita à divisão por  $n$  e  $b$ ). Assim, sempre que a herdabilidade ao nível de médias de famílias de meios irmãos superar a magnitude de 0,5, ter-se-ão herdabilidades maiores que 1,0 para a seleção de parentais. Com base no exposto, torna-se vantajoso definir a expressão do ganho para seleção de parentais com base em teste de suas progênes como  $G_s = 2k(1/4)\sigma_A^2/\sigma_X$ , diferentemente do apresentado na Tabela 3. No caso de utilização da expressão da Tabela 3, valores de herdabilidades maiores que 1 deverão ser interpretados como normais.

## APÊNDICE V

**ESTIMADORES DAS HERDABILIDADES ASSOCIADAS ÀS SELEÇÕES ENTRE FAMÍLIAS SEM SEMENTES REMANESCENTES ( $h^2_{msr}$ ), ENTRE FAMÍLIAS COM SEMENTES REMANESCENTES ( $h^2_{mcr}$ ), DENTRO DE FAMÍLIAS ( $h^2_d$ ) E SELEÇÃO DE PARENTAIS ( $h^2_{sp}$ ). DELINEAMENTO DE BLOCOS CASUALIZADOS COM VÁRIAS PLANTAS POR PARCELA**

Parâmetro	Expressão Biométrica
$h^2_{msr}$	$\frac{[1+(N-1)r]/N \sigma^2_A}{\sigma^2_p + \sigma^2_e/b + \sigma^2_d/nb}$
$h^2_{mcr}$	$\frac{r \sigma^2_A}{\sigma^2_p + \sigma^2_e/b + \sigma^2_d/n}$
$h^2_d$	$\frac{(1-r) \sigma^2_A}{\sigma^2_d}$
$h^2_{sp}$	$\frac{1/2 \sigma^2_A}{\sigma^2_p + \sigma^2_e/b + \sigma^2_d/n}$

\* Toda a simbologia encontra-se descrita na metodologia.