

# ESTIMAÇÃO DE VALORES GENÉTICOS NO MELHORAMENTO DE *Eucalyptus*: SELEÇÃO EM UM CARÁTER COM BASE EM INFORMAÇÕES DO INDIVÍDUO E DE SEUS PARENTES

Marcos Deon Vilela de Resende<sup>\*</sup>  
Antonio Rioyei Higa<sup>\*\*</sup>

## RESUMO

No presente trabalho, foram derivados os coeficientes de ponderação e as expressões do progresso genético com seleção, para métodos de seleção baseados em estimação de valores genéticos, a partir de testes de progênie instalados no delineamento de blocos casualizados com várias e com uma planta por parcela. Constatou-se que, com várias plantas por parcela, os coeficientes de ponderação e as expressões de ganho diferem consideravelmente daqueles apresentados por Lush e Falconer, os quais são amplamente empregados em melhoramento animal. Na aplicação da seleção combinada (método mais simples de estimação de valores genéticos) a um teste de progênie de *E. grandis*, constataram-se superioridades de 30% e 35% em relação à seleção entre e dentro de progênies, para altura e diâmetro, respectivamente. Foram derivados e apresentados os coeficientes de ponderação e as expressões do progresso com seleção para a estimação de valores genotípicos em testes de progênie de meios-irmãos e irmãos germanos, com o objetivo de orientar a seleção de indivíduos superiores para clonagem. Foram apresentados, também, processos de estimação de valores genéticos, quando se dispõe de avaliações de parentes além daqueles normalmente disponíveis (progênies e indivíduos dentro de progênie), visando maximizar o ganho com a seleção de parentais ou indivíduos em testes de progênie. Foram apresentados processos de estimação de valores genéticos em testes combinados de procedência e progênie bem como processos de seleção através de valores genéticos para situações em que se dispõem de vários experimentos dentro de uma zona de melhoramento, ou vários experimentos instalados em um mesmo local. Foram também discutidos aspectos práticos (a nível de delineamentos de campo), da seleção através de valores genéticos. De maneira geral, concluiu-se que os métodos de seleção baseados em valores genéticos e genotípicos apresentam vantagens e devem ser utilizados no melhoramento florestal, em substituição aos métodos baseados em valores fenotípicos (seleção massal e seleção entre e dentro de progênies).

**PALAVRAS-CHAVE:** Valor genético, valor genotípico, seleção clonal, maximização de ganho, melhor predição linear.

---

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

\*\* Eng.-Florestal, Doutor, CREA n° 52583/D, Pesquisador da EMBRAPA-Centro Nacional de Pesquisa de Florestas.

# ESTIMATION OF BREEDING VALUES IN *Eucalyptus* IMPROVEMENT: SELECTION IN ONE TRAIT BASED ON INFORMATION ON INDIVIDUALS AND ON THEIR RELATIVES

## ABSTRACT

Mathematical expressions to estimate weight coefficients and genetic gains for several selection methods, based on breeding value estimation, were derived for progeny trials established in randomized block design, with one and several plants per plot. Expressions based on trials with several plants per plot differed from those presented by Lush and Falconer, which are largely used in animal breeding. The combined selection in a trial of *Eucalyptus grandis* was 30% and 35% more efficient than family/within-family selection for height and diameter, respectively. Other formulae to estimate genotypic values from half-sib and full-sib progeny trials were also presented, aiming to select individuals for clonal forests. Other items in this paper include: a) a methodology to estimate breeding values of parents or individuals in progeny trials for situations in which information are available from family, individuals within family, and other relatives; b) a methodology for selection based on individual breeding values for situations in which several combined progeny/provenance trials are established within one breeding zone or several trials in the same environment. Practical implications of selection based on breeding values are discussed.

KEY WORDS: genetic value, genotypic value, clonal selection, gain maximization, best linear prediction.

## 1. INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento genético de *Eucalyptus* no Brasil têm se baseado, principalmente, na seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos. Neste esquema, um mesmo número de indivíduos tem sido selecionado em cada uma das famílias selecionadas para comporem os pomares de sementes por mudas ou clonais (KAGEYAMA, 1980). Este método de seleção fundamenta-se, portanto, em medidas fenotípicas (médias de famílias e desvio do valor individual). No entanto, é de conhecimento dos melhoristas florestais, a existência de indivíduos excepcionais em famílias que não foram selecionadas (famílias intermediárias e inferiores), e também que, dentre as famílias selecionadas, o melhor indivíduo de uma determinada família muitas vezes é inferior ao segundo, terceiro ou quarto melhores indivíduos de outras famílias. Este fato sugere que uma seleção mais efetiva poderia ser realizada ponderando os valores individuais e os valores das suas respectivas famílias. Na realidade, essa ideia não é nova no melhoramento genético, tendo LUSH (1945, 1947) realizado a primeira análise dessa questão e proposto a seleção combinada com base em valores individuais com recuperação da informação de famílias. Neste método, a seleção é baseada em medidas genéticas (valores genéticos líquidos) e não fenotípicas, dos candidatos à seleção.

O termo valor genético refere-se ao mérito genético aditivo dos indivíduos, equivalendo à soma dos efeitos médios dos genes que eles possuem, conforme definido por LUSH (1931, 1935). Os valores genéticos são estimados através da

utilização de todas as informações disponíveis a respeito desses candidatos. Essas podem ser: avaliações repetidas no mesmo indivíduo em diferentes estágios de desenvolvimento, avaliações provenientes de seus parentes, avaliações de outros caracteres no indivíduo e em seus parentes (caracteres auxiliares no melhoramento do caráter de interesse). A seleção combinada (índice de seleção ou índice combinado, segundo alguns autores), conforme definida por LUSH (1945), é um dos casos mais simples de estimação de valores genéticos, já que se baseia em um só caráter e em apenas duas fontes de informação: o próprio indivíduo e a família a que pertence. Essa modalidade de seleção apresenta plenas condições de utilização no melhoramento florestal, conforme já tem sido relatado e utilizado (COTTERILL, 1986; COTTERILL & DEAN, 1990). A aplicação deste método de seleção em espécies florestais iniciou-se na França, a partir de 1970, conforme tem sido relatado (ARBEZ et alii, 1974; BARADAT, 1976; STONECYPHER & ARBEZ, 1976).

A seleção genética propriamente dita (com base em valores genéticos estimados) não é tradição em nosso país e isto tem conduzido a uma série de desvantagens. Além do menor ganho genético, por ocasião da seleção, existem outras consequências relacionadas ao estabelecimento dos pomares de semente e a geração das famílias a serem avaliadas no ciclo subsequente.

O presente trabalho tem como objetivo apresentar alguns aspectos teóricos e aplicados da estimação de valores genéticos e suas implicações nos processos seletivos em *Eucalyptus* spp.

## **2. MATERIAL E MÉTODOS**

Os valores genéticos dos candidatos à seleção para caracteres específicos são variáveis aleatórias que não podem ser conhecidas exatamente. Entretanto, valores fenotípicos são utilizados visando a estimação de valores genéticos e, em programas de melhoramento, o problema principal consiste em se adotar valores fenotípicos que melhor estimem os valores genéticos verdadeiros.

Segundo HENDERSON (1963), quando a seleção é praticada com base em um índice, combinando uma série de informações referentes aos indivíduos candidatos à seleção, espera-se resposta máxima nos valores genéticos desses indivíduos e, conseqüentemente, maior precisão na seleção.

Serão abordados, apenas os casos em que se dispõe de uma rede de informações sobre um dado caráter, referentes aos indivíduos sob seleção e seus parentes. A seleção com base em índice envolvendo vários caracteres com vistas ao melhoramento de *Eucalyptus* no Brasil, já foi abordada em trabalho anterior (RESENDE et al. 1990).

### **2.1. Seleção com base em valores individuais e médias de famílias (seleção combinada).**

- (a) - Identificação dos indivíduos a serem selecionados com base em desvios - Experimentos no delineamento em blocos casualizados com várias plantas por parcela.

Define-se "A" como o valor genético (aditivo) do indivíduo candidato à seleção e  $I = b_1(X_{i..} - X_{...}) + b_2(X_{ijk} - X_{ij.})$  como o índice no qual a seleção será baseada. Os pesos  $b_1$  e  $b_2$  ponderam o desvio da média da família ( $X_{i..}$ ) a que pertence o indivíduo em relação à média geral de todas as famílias ( $X_{...}$ ) e, o desvio do valor individual ( $X_{ijk}$ ) em relação à média da família no bloco ( $X_{ij.}$ ), respectivamente. Define-se  $P_W = X_{ijk} - X_{ij.}$  e  $P_F = X_{i..} - X_{...}$

A melhor estimativa do valor genético de um indivíduo, obtida de seu valor fenotípico, corresponde ao produto deste último valor pela regressão do valor genético sobre o valor fenotípico (FALCONER, 1960). Essa regressão maximiza a correlação entre o índice I e o valor genético A. Aplicando este princípio, para as duas partes do valor fenotípico ( $P_W$  e  $P_F$ ), determinam-se os valores dos coeficientes de ponderação  $b_1$  e  $b_2$ .

Assim,  $b_1$  e  $b_2$  são estimados por regressão linear múltipla, a partir do seguinte sistema matricial:

$$\begin{bmatrix} \sigma_{PF}^2 & \sigma_{FPFW} \\ \sigma_{PWPF} & \sigma_{PW}^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_{(A,PF)} \\ \sigma_{(A,PW)} \end{bmatrix}$$

que equivale ao sistema de equações  $b_1 \sigma_{PF}^2 + b_2 \sigma_{FPFW} = \sigma_{(A,PF)}$   
 $b_1 \sigma_{PWPF} + b_2 \sigma_{PW}^2 = \sigma_{(A,PW)}$

onde  $\sigma_{PF}^2$  e  $\sigma_{PW}^2$  são as variâncias associadas aos desvios das médias de famílias e individuais, respectivamente, e  $\sigma_{FPFW}$  é a respectiva covariância destes desvios.  $\sigma_{(A,PF)}$  e  $\sigma_{(A,PW)}$  são as covariâncias entre o valor genético aditivo e os desvios das médias de famílias e entre o valor genético aditivo e os desvios individuais, respectivamente.

Demonstra-se que  $\sigma_{PWF} = 0$ , pois  $E[(X_{ijk} - X_{j.})(X_{i.} - X_{..})] = 0$ , ou seja, as duas partes são não correlacionadas e fornecem informações independentes do valor genético individual. Assim, os coeficientes podem ser estimados por:

$$\left. \begin{aligned} b_1 &= \sigma_{(PF,A)} / \sigma_{PF}^2 \\ b_2 &= \sigma_{(PW,A)} / \sigma_{PW}^2 \end{aligned} \right|$$

Conforme descrito por RESENDE (1991) tem-se os seguintes estimadores para as variâncias e covariâncias:

$$\sigma_{(A,PF)} = \frac{p-1}{p} \frac{1+(N-1)r}{N} \sigma_A^2 \text{ para a seleção sem sementes remanescentes}$$

e

$$\sigma_{(A,PF)} = \frac{p-1}{p} r \sigma_A^2 \text{ para a seleção com sementes remanescentes.} \quad \left| \right.$$

$$\sigma_{(PW,A)}^2 = \frac{n-1}{n} (1-r) \sigma_A^2$$

$$\sigma_{PF}^2 = \frac{p-1}{p} (\sigma_p^2 + \sigma_e^2 / b + \sigma_d^2 / nb)$$

$$\sigma_{Pw}^2 = \frac{n-1}{n} \sigma_{d'}^2 \quad \text{onde:}$$

$\sigma_p^2$  - variância genética entre progênies;

$\sigma_e^2$  - variância entre parcelas;

$\sigma_d^2$  - variância entre plantas dentro de parcelas;

$\sigma_A^2$  - variância genética aditiva;

$r$  - duas vezes o coeficiente de parentesco entre os indivíduos do tipo de família considerada;

$n$  - número de plantas por parcela;

$p$  - número de progênies avaliadas;

$b$  - número de blocos;

$N$  =  $nb$

Assim, constata-se que os coeficientes  $b_1$  equivalem às herdabilidades aos níveis de médias de família ( $h_m^2$ ). (Tabela 1).

**TABELA 1. Coeficientes  $b_1$  para a seleção combinada baseada em desvios, para progênies de meios-irmãos (MI) e irmãos germanos (IG), nas modalidades com e sem sementes remanescentes\*.**

Modalidade	MI	IG
Com sementes remanescentes	$(1/4) \sigma_A^2 / \sigma_{FMI}^2$	$(1/2) \sigma_A^2 / \sigma_{FIG}^2$
Sem sementes remanescentes	$[(3+N)/4N] \sigma_A^2 / \sigma_{FMI}^2$	$[(N+1)/2N] \sigma_A^2 / \sigma_{FIG}^2$

\*  $\sigma_{FMI}^2$  e  $\sigma_{FIG}^2$  - variância fenotípica entre médias de famílias de meios-irmãos e irmãos germanos, respectivamente

Para ambas as modalidades (com e sem sementes remanescentes) os coeficientes  $b_2$  para a seleção combinada baseada em desvios correspondem a  $(3/4) \sigma_A^2 / \sigma_{dMI}^2$  para progênies de meios-irmãos (MI) e  $(1/2) \sigma_A^2 / \sigma_{dIG}^2$  para progênies de irmãos germanos (IG), equivalendo à herdabilidade para a seleção dentro de família na parcela.

Na seleção com sementes remanescentes,  $\sigma_d^2$  pode ser diferente (provavelmente maior, pois as parcelas são maiores) daquela estimada no experimento. Portanto, deve ser estimada nas parcelas fora do experimento, por ocasião da seleção. Também, para aplicação das expressões descritas acima, o desvio do indivíduo deve ser realizado relação à média da família na parcela fora do experimento.

- (b) - Identificação dos indivíduos a serem selecionados com base em valores fenotípicos - Experimentos no delineamento em blocos casualizados, com várias plantas por parcela

Desenvolvendo-se o índice  $I = h_d^2 (X_{ijk} - X_{ij.}) + h_m^2 (X_{i..} - X_{...})$

apresentado em (a), obtém-se  $I = h_d^2 X_{ijk} - h_d^2 X_{ij.} + h_m^2 X_{i..} - h_m^2 X_{...}$

Assim, o índice se resume na multiplicação dos valores fenotípicos referentes a indivíduo, média de parcela, média da família e média geral do experimento pelas herdabilidades, não havendo a necessidade de se obter os desvios antes de efetuar a multiplicação.

- (c) - Identificação dos indivíduos a serem selecionados com base em desvios - Experimentos no delineamento em blocos casualizados, com uma planta por parcela.

Para o caso de experimentos com uma planta por parcela (modalidade sem sementes remanescentes), o desvio do indivíduo deve ser estimado em relação à média geral da família no experimento. Nesse caso  $n=1$  e  $N=nb=b$ . Assim sendo, não existe  $\sigma_d^2$  e, portanto,  $\sigma_{Pw}^2$  equivale a  $(N-1)/N(\sigma_e^2 + \sigma_b^2)$  e  $\sigma_{PF}^2$  equivale a  $\sigma_p^2 + \sigma_e^2 / N$ , onde  $\sigma_b^2$  é a variância entre blocos. Nesse caso, recomenda-se ajustar os valores individuais para o efeito de bloco, antes de desviá-los das médias de famílias. Esse procedimento torna  $\sigma_{Pw}^2 = [(N-1)/N]\sigma_e^2$  (RESENDE, 1991), o que é desejável.

Assim, com base nas derivações de RESENDE (1991), tem-se:

$$\left. \begin{aligned} b_1 &= \frac{1+(N-1)r\sigma_A^2}{1+(N-1)t\sigma_F^2} = \frac{1+(N-1)r}{1+(N-1)t} h_i^2 \\ b_2 &= \frac{(1-r)\sigma_A^2}{(1-t)\sigma_F^2} = \frac{(1-r)}{(1-t)} h_i^2 \end{aligned} \right\}$$

onde:  $h_i^2$  = herdabilidade no sentido restrito a nível de indivíduos;

$\sigma_F^2 = \sigma_p^2 + \sigma_e^2$  = variância fenotípica a nível de indivíduos;

$t = \sigma_p^2 / (\sigma_p^2 + \sigma_e^2) = r h_i^2$  = correlação fenotípica intraclasse entre indivíduos de uma família em diferentes blocos.

Uma vez que a fração  $h_i^2$  é comum aos dois termos, o índice para a seleção combinada pode ser resumido a:

$$I = \frac{1+(N-1)r}{1+(N-1)t} (X_t - X_w) + \frac{(1-r)}{(1-t)} (X_B - X_t),$$

que é idêntico ao apresentado por LUSH (1947).

- (d) - Identificação dos indivíduos a serem selecionados com base em valores fenotípicos - Experimentos no delineamento em blocos casualizados, com uma planta por parcela.

Uma alternativa conveniente, do ponto de vista prático, é trabalhar com valores

absolutos, individuais ( $X_{ij}$ ) e de médias de família ( $X_i$ ) e não com desvios. Partindo-se do índice definido no item c, chega-se à expressão adequada ao presente caso, reescrevendo-o como:

$$I = \frac{1+(N-1)r}{1+(N-1)t} - \frac{1-r}{1-t} X_i + \frac{1-r}{1-t} X_{ij}$$

O termo referente à média geral não altera o índice, pois assume um valor único para todos os indivíduos e pode ser omitido sem prejuízo. Tem-se então:

$$I = \frac{N(r-t)}{(1-t)[1+(N-1)t]} X_i + \frac{1-r}{1-t} X_{ij}$$

Fazendo as simplificações, obtêm-se o índice

$$I = X_{ij} + \frac{N(r-t)}{[1+(N-1)t](1-r)} X_i$$

Essa expressão é idêntica à apresentada por LUSH (1945; 1947), FALCONER (1960) e BRIQUET JUNIOR (1967), a qual é amplamente empregada em melhoramento animal. Como  $t = rh_i^2$ , o índice pode ser escrito como

$$I = X_{ij} + \frac{Nr(1-h_i^2)}{[1+(N-1)rh_i^2](1-r)} X_i$$

conforme apresentado por COTTERILL & DEAN (1990).

O índice descrito em (c) e (d) não pode ser aplicado vantajosamente quando existem várias plantas por parcela, pois trabalhando com a média geral das famílias, não se pode corrigir os valores individuais para o efeito

entre parcelas ( $\sigma_e^2$ ). Assim, as expressões apresentadas por LUSH (1945;1947), FALCONER (1960), BRIQUET JÚNIOR (1967) e COTTERILL & DEAN (1990) não devem ser usadas generalizadamente.

(e) - Progresso genético com seleção combinada baseada em desvios ou valores fenotípicos - Experimentos no delineamento em blocos casualizados, com várias plantas por parcela.

Para os índices descritos em (a) e (b), uma vez que  $P_F$  e  $P_W$  são desvios e,

portanto, constituem diferenciais de seleção, o progresso genético com seleção (Gs) equivale à média dos valores genéticos (índices) dos indivíduos selecionados.

Na seleção truncada com base nos índices, pode-se usar o diferencial de seleção estandardizado (i). O ganho genético é dado por

$$G_S = i b_{AI} \sigma_I = i \text{COV}_{AI} / \sigma_I = i h_I^2 \sigma_I = i \sigma_I ,$$

onde:

$b_{AI} = h_I^2$  = regressão do índice sobre os valores genéticos aditivos, que equivale à herdabilidade do índice a qual assume o valor 1;

$\text{COV}_{AI}$  = covariância entre o índice combinado (I) e o valor genético aditivo (A) o qual equivale a  $(\sigma_I^2)$

$(\sigma_I^2)$  = variância dos valores do índice I.

Sendo o índice  $I = \sum_{i=1}^n b_i X_i$ , a sua variância é:

$$V(I) = V\left(\sum_{i=1}^n b_i X_i\right) = b_1^2 \sigma_{X_1}^2 + b_2^2 \sigma_{X_2}^2 + \dots + b_n^2 \sigma_{X_n}^2 + 2b_1 b_2 \sigma_{X_1 X_2} + 2b_1 b_3 \sigma_{X_1 X_3} + \dots + 2b_{n-1} b_n \sigma_{X_{n-1} X_n} = \sum_{ij} b_i b_j X_{ij}, \text{ onde } X_{ij} = \sigma_{X_i}^2 \text{ para } i=j \text{ e } X_{ij} = 2\sigma_{X_i X_j} \text{ para } i \neq j.$$

Em termos matriciais,  $\sigma_I^2 = b' P b$ , onde b é o vetor coluna dos pesos e P é a matriz de covariância fenotípica entre os componentes do índice.

$$\text{Assim, } I = b_1 P_F + b_2 P_W$$

$$\text{e } \sigma_I^2 = b_1^2 \sigma_{PF}^2 + 2b_1 b_2 \sigma_{PwPF} + b_2^2 \sigma_{Pw}^2 = b_1^2 \sigma_{PF}^2 + 0 + b_2^2 \sigma_{Pw}^2$$

Equivalendo  $b_1$  e  $b_2$  às herdabilidades aos níveis de médias de família ( $h_m^2$ ) e dentro de famílias ( $h_d^2$ ), tem-se

$$\sigma_I^2 = h_m^4 \sigma_{PF}^2 + h_d^4 \sigma_{Pw}^2$$

$$G_S = i(h_m^4 \sigma_{PF}^2 + h_d^4 \sigma_{Pw}^2)^{1/2}$$

$$G_S = i \left[ h_m^4 \frac{(p-1)}{p} (\sigma_p^2 + \sigma_e^2 / b + \sigma_d^2 / nb) + h_d^4 \frac{(n-1)}{n} \sigma_d^2 \right]^{1/2}$$

- (f) - Progresso genético com seleção combinada baseada em desvios - Experimentos no delineamento em blocos casualizados, com uma planta por parcela.

Nesse caso,  $G_S$  equivale à média dos  $I(\bar{I}_S)$ , como em (e). Para seleção truncada com base no índice, usa-se a expressão descrita em (c), reescrita como

$$G_S = i \left[ h_m^4 \frac{(p-1)}{p} (\sigma_p^2 + \sigma_e^2 / N) + h_d^4 (N-1) / N \sigma_e^2 \right]^{1/2}$$

uma vez que não existe variância dentro.

- (g) - Progresso genético com seleção combinada baseada em valores fenotípicos - Experimentos no delineamento em blocos casualizados, com uma planta por parcela.

O índice assume a forma  $I = h_d^2 X_{ij} + (h_m^2 - h_d^2) X_{i.} - h_m^2 X_{..}$ , onde se despreza o último termo da expressão, por ser uma constante. Assim, obtem-se o ganho fazendo  $G_S = \bar{I}_S - h_m^2 X_{..}$

Pela seleção truncada,

$$G_S = i \sigma_I = i h_i^2 \sigma_F \left[ \frac{p-1}{p} \right]^{1/2} \left[ 1 + \frac{(r-t)^2}{(1-t)} \frac{(n-1)}{(1+(n-1)t)} \right]^{1/2}$$

que é semelhante à expressão apresentada por FALCONER (1960) (exceto pela correção para  $[(p-1)/p]$  e que deve fornecer resultados idênticos aos obtidos pela expressão descrita em (f).

## 2.2. Estimación de valores genotípicos e selección clonal no melhoramento de *Eucalyptus*.

É importante salientar que os melhores indivíduos selecionados com base em valores genéticos não serão, necessariamente, os melhores para um programa de clonagem. Na seleção de indivíduos para testes clonais, é necessário adotar um processo de seleção que leve em consideração os efeitos gênicos não aditivos e, conseqüentemente, classifique os indivíduos por mérito genotípico e não genético. Usa-se, aqui, o termo valor genotípico para indicar que se está interessado na seleção de genótipos superiores para clonagem e não na captura de alelos favoráveis com vistas ao melhoramento populacional. A estimación de valores genotípicos não tem sido ainda tratada na literatura florestal.

Assim, o mesmo princípio da seleção combinada pode ser aplicado, quando se dispõe de um teste de progênie como população base para seleção. A questão é apenas de ajuste dos pesos em função dos componentes genéticos que serão explorados pela seleção.

Pelo processo adotado por RESENDE (1991), derivou-se a expressão adequada ao presente caso, para famílias não endógamas, para um esquema de seleção sem sementes remanescentes. Assim obteve-se:

$$I = b_1(X_{i..} - X_{...}) + b_2(X_{ijk} - X_{ij.})$$

$$I = \frac{\frac{p-1}{p} \left[ \frac{1+(N-1)r}{N} \sigma_A^2 + \frac{1}{N} \sigma_D^2 \right]}{\frac{p-1}{p} (\sigma_p^2 + \sigma_e^2 / b + \sigma_d^2 / nb)} (X_{i..} - X_{...}) + \frac{\frac{n-1}{n} (1-r) \sigma_A^2 + \frac{n-1}{n} \sigma_D^2}{\frac{n-1}{n} \sigma_d^2} (X_{ijk} - X_{ij.})$$

para meios-irmãos e,

$$I = \frac{\frac{p-1}{p} \left[ \frac{1+(N-1)r}{N} \sigma_A^2 + \frac{1+(N-1)u}{N} \sigma_D^2 \right]}{\frac{p-1}{p} (\sigma_p^2 + \sigma_e^2 / b + \sigma_d^2 / nb)} (X_{i..} - X_{...}) + \frac{\frac{n-1}{n} (1-r) \sigma_A^2 + \frac{n-1}{n} (1-u) \sigma_D^2}{\frac{n-1}{n} \sigma_d^2} (X_{ijk} - X_{ij.})$$

para irmãos germanos, onde  $u$  é o coeficiente de dominância (KEMPTHORNE, 1957).

Pela expressão acima, a relação entre os pesos dados aos desvios da média de família e do valor individual deve alterar sensivelmente, quando se visa à seleção de clones, em relação a situações onde se visa a propagação sexuada. Isto porque, nesse caso, o ponderador dos desvios dentro de progênies aumenta pela presença quase integral da variância genética dominante ( $\sigma_D^2$ ) e da interação alélica inter-locos (epistasia, a qual não foi incluída no modelo do presente estudo). Nesse sentido, é importante mencionar que a variância genética dominante parece assumir valores relevantes em relação à variância aditiva em *Eucalyptus* (WYK, 1990).

Do ponto de vista prático, isto significa que poderão ser selecionados indivíduos excepcionais mesmo de famílias com baixa performance, fato que nunca ocorreria na seleção visando a propagação sexuada. Do ponto de vista genético, isto significa

que, indivíduos bons de famílias ruins, provavelmente serão altamente heterozigóticos e/ou epistáticos.

Na Tabela 2 são apresentadas as expressões adequadas à seleção clonal em testes de progênie de meios-irmãos e irmãos germanos. Na seleção com base no diferencial de seleção estandardizado, o termo  $1-1/p$  pode ser desconsiderado se  $p$  for suficientemente grande (maior que 20).

**TABELA 2. Coeficientes  $b_1$  e  $b_2$  para seleção de indivíduos superiores visando a propagação clonal em testes de progênie e expressões ( $G_s$ ) para cálculo do progresso com seleção.**

	$b_1$	$b_2$	$G_s^*$
Meios-irmãos	$\frac{[(3+N)/4N]\sigma_A^2 + \sigma_D^2 / N}{\sigma_{FM}^2}$	$\frac{3/4\sigma_A^2 + \sigma_D^2}{\sigma_{dM}^2}$	$i \left[ \frac{p-1}{p} \sigma_{FM}^2 b_1^2 + \frac{n-1}{n} \sigma_{dM}^2 b_2^2 \right]^{1/2}$
irmãos germanos	$\frac{[(N+1)/2N]\sigma_A^2 + [(3+N)/4N]}{\sigma_{FIG}^2}$	$\frac{1/2\sigma_A^2 + 3/4\sigma_D^2}{\sigma_{dIG}^2}$	$i \left[ \frac{p-1}{p} \sigma_{FIG}^2 b_1^2 + \frac{n-1}{n} \sigma_{dIG}^2 b_2^2 \right]^{1/2}$

\* ganho em unidades de desvio padrão. O ganho real pode ser determinado fazendo-se  $G_s = \bar{I}_s$ .

Quanto à estimação dos componentes de variância genética dominante, para o caso de famílias de irmãos germanos, parece não haver problema, pois no melhoramento florestal, quando se tem este tipo de família, geralmente trabalha-se com cruzamentos dialélicos, que permitem o isolamento de  $\sigma_A^2$  e  $\sigma_D^2$ .

Para o caso em que se utiliza apenas famílias de meios-irmãos, não se tem isolado a variância dominante. É sabido que, entre famílias de meios-irmãos, é liberado  $1/4$  da  $\sigma_A^2$  e pequenas frações da variância epistática referente aos efeitos aditivos. Por outro lado, dentro de famílias, encontra-se toda a variância genética dominante e a quase totalidade da variância genética epistática, além da variância ambiental ( $\sigma_{ad}^2$ ).

Assim, sugere-se a instalação de parcelas de clones (vários clones) em todas as repetições (várias parcelas por repetição) dos experimentos com progênie de meios-irmãos. Este procedimento deverá permitir estimar a variação ambiental dentro de parcelas ( $\sigma_{ad}^2$ ) e, conseqüentemente, estimar  $\sigma_D^2$  a partir de  $\sigma_D^2 = \sigma_d^2 - 3/4\sigma_A^2 - \sigma_{ad}^2$ .

Nesse caso,  $\sigma_D^2$  estará estimando a variância dominante mais a quase totalidade da variância epistática. Entretanto, como a variância epistática também será explorada pela seleção, pode-se usar a  $\sigma_D$  estimada, diretamente nas expressões do progresso esperado. Este procedimento poderá ser muito útil na seleção de indivíduos superiores em testes de progênie, com vistas à instalação de

testes clonais.

Esta sugestão deve ser investigada a nível prático, procurando-se verificar a confiabilidade da estimativa de  $\hat{\sigma}_{ad}^2$  obtida dessa forma. Existe a possibilidade de  $\hat{\sigma}_{ad}^2$  diferir sensivelmente em função dos diferentes materiais genéticos, de forma que a estimativa obtida para clones possa não ser adequada para progênie. Por isso, foi sugerida a utilização de vários clones (com diferentes níveis de homeostase), visando estimar a  $\hat{\sigma}_{ad}^2$  média de vários clones, que possa ser adequada às progênie.

### 2.3. Outros casos em que a estimação de valores genéticos é vantajosa.

No estabelecimento de pomares de semente testados, é indicada a utilização dos valores fenotípicos dos parentais ( $P_P$ ), além das médias de suas progênie ( $M_F$ ). Neste caso, tem-se o índice  $I = b_1P_P + b_2M_F$  e o seguinte sistema matricial deve ser empregado para determinar os pesos:

$$\begin{bmatrix} \sigma_{P_P}^2 & \sigma_{P_P M_F} \\ \sigma_{M_F P_P} & \sigma_{M_F}^2 \end{bmatrix} \begin{matrix} P \\ \\ \end{matrix} = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} \begin{matrix} G \\ \\ \end{matrix} = \begin{bmatrix} \sigma_{A, P_P} \\ \sigma_{A, M_F} \end{bmatrix}$$

onde:

- $\sigma_{P_P}^2$  - variância fenotípica associada à avaliação do parental, que pode ser ao nível de médias (se o dado vem de teste clonal ou banco clonal) ou a nível de indivíduo;
- $\sigma_{P_P M_F}$  - covariância entre os valores fenotípicos dos parentais e médias de suas progênie.  $(1/2\sigma_A^2)$ ;
- $\sigma_{M_F}^2$  - variância fenotípica entre médias de progênie;
- $\sigma_{A, P_P}$  - covariância entre o valor genético aditivo e os valores fenotípicos dos parentais  $(\sigma_A^2)$ ;
- $\sigma_{A, M_F}$  - covariância entre o valor genético aditivo dos parentais e a média de suas progênie  $(1/2\sigma_A^2)$

Outra situação, em que a estimação de valores genéticos é recomendada, refere-se à seleção visando o estabelecimento de pomares de semente por mudas ou clonais de 2ª geração. Nessa situação, geralmente, tem-se dados referentes aos parentais nos bancos clonais. Portanto, a eficiência da seleção pode ser aumentada, empregando-se o índice  $I = b_1P_i + b_2M_F + b_3P_p$ , onde  $P_i$ ,  $M_F$  e  $P_p$  são os valores individuais no teste de progênie, de médias de família no teste de progênie e dos parentais (a nível de médias ou individuais), respectivamente.

A estimação dos b's deve ser feita com base no seguinte sistema matricial:

$$\begin{array}{c}
 \begin{array}{c} \text{P} \\ \left[ \begin{array}{ccc} \sigma_{P_i}^2 & \sigma_{P_i M_F} & \sigma_{P_i P_p} \\ \sigma_{M_F P_i} & \sigma_{M_F}^2 & \sigma_{M_F P_p} \\ \sigma_{P_p P_i} & \sigma_{P_p M_F} & \sigma_{P_p}^2 \end{array} \right] \end{array} \\
 \begin{array}{c} \text{b} \\ \left[ \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{array} \right] \end{array} \\
 \begin{array}{c} \text{G} \\ \left[ \begin{array}{c} \sigma_{A, P_i} \\ \sigma_{A, M_F} \\ \sigma_{A, P_p} \end{array} \right] \end{array}
 \end{array}$$

onde:

- $\sigma_{P_i}^2$  - variância fenotípica a nível de indivíduo no teste de progênie;
- $\sigma_{M_F}^2$  - variância fenotípica a nível de médias de famílias no ensaio;
- $\sigma_{P_p}^2$  - variância fenotípica associada à avaliação do parental (nível de médias ou individual);
- $\sigma_{P_i M_F}$  - covariância entre os valores fenotípicos dos indivíduos e as médias de suas famílias ( $\sigma_{M_F}^2$ );
- $\sigma_{P_i P_p}$  - covariância fenotípica entre os valores individuais e dos parentais. Equivale a  $(1/2\sigma_A^2)$ , considerando a avaliação dessas entidades em diferentes experimentos;
- $\sigma_{M_F P_p}$  - covariância fenotípica entre progênies e parentais ( $1/2\sigma_A^2$ );
- $\sigma_{A, P_i}$  - covariância entre os valores genéticos dos indivíduos candidatos à seleção e seus valores fenotípicos ( $\sigma_A^2$ );

- $\sigma_{A, M_F}$  - covariância entre os valores genéticos dos indivíduos e as médias de suas famílias. Equivale a  $[1 + (N-1)r]/N (\sigma_A^2)$ ;
- $\sigma_{A, P_P}$  - covariância entre os valores genéticos dos indivíduos e os valores fenotípicos dos parentais  $(1/2\sigma_A^2)$

Para ambos os casos, os pesos são determinados resolvendo a equação  $b = P^{-1}G$ , onde  $b$  é o vetor coluna dos pesos,  $P^{-1}$  é a inversa da matriz de covariâncias fenotípicas e  $G$  é o vetor coluna de covariâncias genéticas entre os valores genéticos verdadeiros sendo preditos e os fenotípicos ( $P$ ).

O progresso genético ( $G_s$ ), de maneira geral, pode ser determinado por:

$$G_s = i \sigma_I = i(b \cdot Pb)^{1/2}, \text{ em unidades de desvio padrão ou } G_s = \bar{I}_s - \bar{I}$$

em unidades reais.

Este último índice pode também ser aplicado na seleção de clones. Porém, as covariâncias em  $G$  devem ser expressas em termos dos valores genotípicos e não genéticos.

Índices similares podem ser gerados em função da disponibilidade de dados de outros parentais como avós, tios, meios-tios, primos, etc. Entretanto, a utilização de dados de parentais distantes não é aconselhada, em função da baixa covariância genética desses com os valores genéticos sendo preditos. Nesses casos, embora a utilização de parentais distantes não seja prejudicial, pode não resultar em maior ganho genético, o que representaria trabalhos adicionais inúteis.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1. Aplicação da seleção combinada em testes de progênies

Neste estudo, foram analisados os caracteres altura e diâmetro à altura do peito em teste de 41 progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*, avaliados aos 5 anos, no delineamento em blocos casualizados com 3 repetições e 20 plantas por parcela.

Na Tabela 3 são apresentados os progressos genéticos com seleção entre (11 em 41) e dentro progênies (3 em 60) e combinada (33 em 2460), em unidades de desvio padrão.

Os resultados (Tabela 3) revelam a grande eficiência da seleção combinada em relação à seleção entre e dentro, cujos ganhos foram 30 a 35% superiores para altura e diâmetro, respectivamente. No entanto, a seleção combinada tende a selecionar muitos indivíduos de determinadas famílias, em função do maior peso dado à informação de família. Este fato, para as populações de melhoramento, não representaria grandes problemas, pois haveria, nas próximas gerações, oportunidades para a seleção contra indivíduos endogâmicos com características desfavoráveis (é importante notar que os endogâmicos homozigotos, para alelos favoráveis, são altamente desejáveis). Evidentemente, isso é correto desde que seja mantido o tamanho efetivo populacional adequado à obtenção do limite seletivo das

populações, que deve ser maior que 30 (RAWLINGS, 1970; PEREIRA & VENCOVSKY, 1988) e que, para eucalipto, tem sido mantido na faixa dos 50 a 60 (EMBRAPA, 1991).

**TABELA 3. Progressos genéticos em porcentagem para seleção entre e dentro de progênies e combinada, caracteres altura e DAP, em um teste de progênie de *E. grandis*.**

	Altura(%)	DAP(%)
$h^2$ entre	44,02	47,09
$h^2$ dentro	5,55	4,29
Gs entre + dentro	5,73	5,83
Gs seleção combinada	7,45	7,87
Eficiência relativa	1,30	1,35
Média antes da seleção	21,18	14,98

Recomenda-se, portanto, a estimação e quantificação do tamanho efetivo populacional associado a cada esquema de seleção, com o objetivo de capitalizar o máximo progresso genético imediato possível e manter variabilidade para seleção a longo prazo. A estimação do tamanho efetivo em populações de *Eucalyptus* é abordada com detalhes por RESENDE & VENCOVSKY (1990).

Para as populações de produção, cuidados especiais devem ser dispendidos para não permitir cruzamentos entre os indivíduos aparentados, pois isso originaria alguma depressão endogâmica na geração de plantio. Esses cuidados envolveriam a instalação criteriosa de pomares, de modo a manter um bom distanciamento entre os parentes. Porém, quando associada a uma estratégia de sublinhas (MCKEAND & BEINEKE, 1980; HIGA et al., 1991) em que os pomares de produção de semente são compostos de indivíduos provenientes de seleção em diferentes sub-populações, a seleção combinada ajusta-se perfeitamente. Enfim, a seleção combinada apresenta boas perspectivas e deve ser utilizada no melhoramento de *Eucalyptus*.

### 3.2. Aspectos práticos da seleção com base em valores genéticos

A seleção com base em valores genéticos propicia vantagens práticas, desde a concepção dos experimentos até a seleção. Considerando, inicialmente, a seleção em um experimento, verifica-se como grande vantagem o aumento da intensidade de seleção tanto entre quanto dentro de progênies. Expandindo-se a expressão apresentada em (e) tem-se a seguinte expressão de ganho ( $G_s$ ) para a seleção combinada:

$$G_s = K_i \left[ \left( \frac{p-1}{p} \right)^{1/2} \frac{1 + (N-1)r\sigma_d^2}{N\sigma_{PF}} + \left( \frac{n-1}{n} \right)^{1/2} \frac{(1-r)\sigma_d^2}{\sigma_d} \right]$$

enquanto que, para a seleção entre e dentro de progênies tem-se:

$$G_s = K_p \left[ \left( \frac{p-1}{p} \right)^{1/2} \frac{1+(N-1)r\sigma_d^2}{N\sigma_{PF}} \right] + K_d \left[ \left( \frac{n-1}{n} \right)^{1/2} \frac{(1-r)\sigma_d^2}{\sigma_d} \right]$$

Através da comparação direta entre as expressões de ganho para as duas modalidades de seleção sem sementes remanescentes, verifica-se que a única diferença constitui-se nos valores do diferencial de seleção padronizado ( $K_i, K_p$  e  $K_d$ , para a seleção combinada, seleção entre progênies e seleção dentro de progênies, respectivamente). Os dois termos integrantes da expressão do  $G_s$  são multiplicados por  $K_i$  na seleção combinada e por  $K_p$  e  $K_d$  na seleção entre e dentro, sendo que  $K_i$  é sempre superior a  $K_p$  e  $K_d$ . Assim, a vantagem da seleção combinada resume-se na utilização de uma maior intensidade de seleção, tanto entre como dentro de progênies, pois as herdabilidades mantêm-se idênticas em ambos os métodos.

Existe, portanto, uma maneira de aumentar a intensidade de seleção, mantendo-se o mesmo tamanho da população e o mesmo número de indivíduos selecionados e essa maneira é através da seleção individual com recuperação da informação de família. Dessa forma, no melhoramento florestal não se justifica falar em seleção de famílias, mas sim em seleção individual, com base em valores genéticos estimados utilizando também a informação de família.

No melhoramento de *Eucalyptus* no Brasil, a seleção dentro de progênies tem-se baseado na comparação entre os indivíduos dentro de uma mesma parcela. Nesses casos, a intensidade de seleção máxima que se consegue é 1:6, em experimentos com 6 plantas por parcela. Isto tem estimulado a realização da seleção dentro de progênies em parcelas fora do experimento (MORI et al., 1988) que chegam a conter até 100 plantas, visando o aumento da intensidade de seleção. A seleção por valores genéticos permite a comparação direta e eficiente de todos os indivíduos de uma família em todo o experimento, uma vez que a mesma é baseada em desvios ponderados. Nesse caso, em um experimento com 6 plantas por parcela e 10 repetições, pode-se atingir a intensidade de seleção de 1:60. Com essa intensidade, deve-se repensar a utilização de parcelas fora do experimento para a seleção dentro de progênies.

É importante salientar que a variância fenotípica dos desvios dentro de parcelas (de 100 plantas) fora dos experimento deverá assumir a magnitude de  $\mathbf{s}_d^2 + \mathbf{s}_e^2$  contra apenas  $\mathbf{s}_d^2$  para os mesmos desvios em parcelas dentro do experimento, significando que a herdabilidade para a seleção dentro de progênies fora do experimento diminui em relação àquela observada no experimento. Assim, na presente comparação, aumentar a intensidade de seleção de 1:60 para 1:100 pode ser em vão (considerando uma relação  $\mathbf{s}_d^2 / \mathbf{s}_e^2 = 10$ , a proporção de aumento no valor tabelado da intensidade de seleção é inferior à proporção de decréscimo na herdabilidade). Para a seleção dentro de progênies com base em valores genéticos, basta identificar no ranking, o(s) indivíduo(s) com maior(es) índice(s) (I), de cada uma das famílias selecionadas. Nesse caso, a seleção entre e dentro equivale à seleção combinada, com restrição para a não seleção de mais de um indivíduo por família.

Outra vantagem da seleção baseada em valores genéticos é que a mesma possibilita a seleção de indivíduos e progênies em diferentes experimentos da

mesma idade, ou em experimentos com progênies pertencentes a várias procedências (populações). Inicialmente, será considerada a seleção em um experimento com várias procedências, onde se deseja selecionar e, posteriormente, cruzar indivíduos independentemente das procedências a que pertencem. Nesse caso, o procedimento mais correto é selecionar com base nos desvios referentes às três entidades genéticas (indivíduo, família e procedência). Assim, recomenda-se a estimação de parâmetros genéticos para cada procedência em separado e a estimação do seguinte índice para o ranqueamento geral dos indivíduos de todo o experimento:

$$I = h^2_{AP} (M_{Pr} - M_G) + h^2_m (M_F - M_{Pr}) + h^2_d (P_i - M_P), \text{ onde:} \quad (1)$$

$h^2_{AP}$  - herdabilidade no sentido restrito (aditiva), entre procedências;

$h^2_m$  - herdabilidade ao nível de médias de famílias dentro de cada procedência;

$h^2_d$  - herdabilidade dentro de famílias dentro de cada procedência;

$M_{Pr}$  - média da procedência;

$M_G$  - média geral do experimento;

$M_F$  - média da família;

$M_P$  - média da parcela

$P_i$  - valor individual.

A média dos  $I_s$  selecionados corresponderia ao ganho genético por seleção. Entretanto, depara-se com dificuldades práticas para adoção deste índice, pois a herdabilidade no sentido restrito (função da variância genética aditiva) não pode ser estimada. A variância genética entre procedências (quando o efeito de procedências é aleatório) não estima somente a variância aditiva, mas também a variância devida aos desvios da não aditividade dos genes (variância dominante e epistática). A superestimação dessa variância ocorre, também, pela variância devida aos efeitos de desequilíbrio de ligação. Esse desequilíbrio se manifesta na população originada através do cruzamento entre indivíduos de diferentes populações.

Por outro lado, reunir todas as progênies de todas as procedências e estimar um único conjunto de parâmetros genéticos, também não seria adequado, uma vez que os componentes da variância não aditiva entre procedências seriam distribuídos na variância entre progênies, e culminaria com a superestimação da herdabilidade.

Se o efeito de procedências for considerado fixo, o parâmetro estimável a partir do somatório do quadrado dos efeitos entre as procedências denomina-se coeficiente de determinação genotípico e, novamente, não se tem a estimativa de  $h^2_{AP}$ . Na prática, em lugar de  $h^2_{AP}$ , poder-se-ia usar a herdabilidade no sentido amplo entre procedências (a qual é estimável). Para cômputo do ganho com seleção, seria recomendável desprezar o primeiro termo do índice e trabalhar com subestimativas.

Em testes de procedência e progênie em um único experimento, quando o número de progênies é muito baixo (independentemente de os efeitos de procedência serem fixos ou aleatórios), é recomendável a estimação de um único componente de variância referente a variação entre progênies e, conseqüentemente, a obtenção de um único coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênie/procedência. Este procedimento visa aumentar o número de graus de liberdade referente a progênies e, conseqüentemente, aumentar a precisão na estimação dos parâmetros. Nesse caso, o índice a ser aplicado refere-se àquele descrito no item 2.1 (a), pois uma mesma herdabilidade ao nível de médias de família e dentro de famílias seria aplicada a todas as progênies e indivíduos.

Ainda com relação aos testes de procedência/progênie, é oportuno salientar que, com baixo número total de progênies (após a soma daquelas das diferentes procedências) que resultam em menos de 10 graus de liberdade, não se recomenda a estimação de parâmetros genéticos, devido à baixa precisão dos parâmetros nesse caso.

Uma outra situação seria aquela em que se dispõe de um grande número de progênies de uma única população. Nesse caso, através da seleção por valores genéticos, pode-se distribuir as progênies em diferentes experimentos, para se conseguir homogeneidade dentro dos blocos em cada um dos experimentos. Esses experimentos devem ser instalados próximos uns dos outros em um determinado local ou em diferentes locais, mas dentro de uma mesma zona de melhoramento (área onde se objetiva plantar um mesmo material genético, dentro da qual a interação genótipo x ambiente seja desprezível). Outra exigência consiste na manutenção, em cada experimento, de um número razoável de progênies (>30), suficiente para estimar bem os efeitos fixos referentes às médias experimentais de cada local das quais as médias de progênies serão desviadas. Procedendo-se assim, pode-se empregar, em cada experimento, o índice descrito no item 2.1 (a) e estabelecer um "ranking" geral, com todos os indivíduos de todos os experimentos.

Quando se tem um grande número de progênies de várias procedências, toma-se necessário subdividir o experimento em vários. Nesse caso, se o número de progênies de cada procedência em cada experimento for suficiente para estimar bem as médias de procedências em cada local, pode-se empregar o índice descrito na equação (1), substituindo-se a  $h^2_{AP}$  por uma herdabilidade no sentido amplo entre procedências. Posteriormente, pode-se fazer um "ranking" geral dos valores genéticos dos indivíduos de todos os experimentos e procedências. Para o cálculo do ganho, deve-se desconsiderar o primeiro termo da equação (1), obtendo-se um ganho subestimado.

Se os materiais genéticos em avaliação forem inadequados à estimação das médias de procedências e/ou experimentos, recomenda-se usar testemunhas de base genética ampla, comuns a todos os ensaios, cujas médias serão usadas para desviar as médias de progênies.

As situações descritas neste trabalho são aquelas em que os candidatos à seleção apresentam a mesma quantidade de informação e iguais precisões (mesmos segundos momentos) associadas às suas avaliações, ou se aproximem destas

condições. Em situações em que essas condições são violadas consideravelmente, recomenda-se a aplicação do método "Best Linear Prediction" (BLP). Além disso, se houverem problemas com relação à estimação dos efeitos fixos (médias de locais, etc.), deve-se utilizar o método "Best Linear Unbiased Prediction" (BLUP), métodos esses descritos inicialmente por HENDERSON (1973). É importante ressaltar que a expressão empregada pelo método BLP para cálculo dos valores genéticos é a mesma empregada nos métodos de seleção combinada e dos índices de seleção multi-características, conforme segue:

$$G=r+C'V^{-1}(Y-a),$$

onde G é um vetor coluna de valores genéticos sendo preditos; V é uma matriz de covariâncias entre as observações; C é uma matriz de covariâncias entre as observações e os valores genéticos sendo preditos; (Y - a) são vetores colunas dos desvios a serem ponderados; e r é um vetor coluna dos valores esperados dos valores genéticos sendo preditos. A diferença entre esses métodos é que, pelo método BLP, os pesos são determinados especificamente para cada candidato à seleção, visando contornar o desbalanceamento.

Assim, os métodos da seleção combinada e dos índices de seleção são "melhor preditor linear" (BLP) para o caso de dados balanceados com a construção do sistema matricial torna-se extremamente simples e os esforços computacionais são reduzidos. A descrição detalhada dos métodos BLP e BLUP está fora do escopo do presente trabalho.

### **3.3. Implicações da seleção com base em valores genéticos, nas populações de melhoramento e de produção de sementes.**

Tendo-se o ordenamento com base em valores genéticos, pode-se obter ganhos adicionais substanciais através da determinação do número ideal de rametes com que cada clone deve participar no pomar de sementes, procurando-se alocar maior número de rametes dos indivíduos com maiores valores genéticos. Porém, isto exige cuidados ainda maiores com a distribuição espacial dos clones.

O mesmo se aplica em relação à população de melhoramento, onde o conhecimento do valor genético dos clones permitirá a predição da descendência a priori, permitindo a seleção de cruzamentos a serem realizados com vistas ao teste de progênie do subseqüente ciclo de seleção. Isto permite definir quantas vezes e com quantos indivíduos cada genótipo selecionado deverá ser cruzado e garante a geração de famílias sabidamente boas para serem avaliadas. Portanto, o conhecimento dos valores genéticos é um fator decisivo na maximização do ganho genético na população de melhoramento.

Assim, a seleção com base em valores genéticos e genotípicos apresenta uma série de vantagens e deve ser utilizada no melhoramento florestal, preferencialmente aos métodos de seleção com base em valores fenotípicos (seleção massal, entre e dentro de progênies).

## **4. CONCLUSÕES**

- Os coeficientes de ponderação e expressões de ganho associados à estimação de valores genéticos pela seleção combinada, para o delineamento em blocos casualizados com várias plantas por parcela, diferem daqueles

condições. Em situações em que essas condições são violadas consideravelmente, recomenda-se a aplicação do método "Best Linear Prediction" (BLP). Além disso, se houverem problemas com relação à estimação dos efeitos fixos (médias de locais, etc.), deve-se utilizar o método "Best Linear Unbiased Prediction" (BLUP), métodos esses descritos inicialmente por HENDERSON (1973). É importante ressaltar que a expressão empregada pelo método BLP para cálculo dos valores genéticos é a mesma empregada nos métodos de seleção combinada e dos índices de seleção multi-características, conforme segue:

$$G=r+C'V^{-1}(Y-a),$$

onde G é um vetor coluna de valores genéticos sendo preditos; V é uma matriz de covariâncias entre as observações; C é uma matriz de covariâncias entre as observações e os valores genéticos sendo preditos; (Y - a) são vetores colunas dos desvios a serem ponderados; e r é um vetor coluna dos valores esperados dos valores genéticos sendo preditos. A diferença entre esses métodos é que, pelo método BLP, os pesos são determinados especificamente para cada candidato à seleção, visando contornar o desbalanceamento.

Assim, os métodos da seleção combinada e dos índices de seleção são "melhor preditor linear" (BLP) para o caso de dados balanceados com a construção do sistema matricial torna-se extremamente simples e os esforços computacionais são reduzidos. A descrição detalhada dos métodos BLP e BLUP está fora do escopo do presente trabalho.

### **3.3. Implicações da seleção com base em valores genéticos, nas populações de melhoramento e de produção de sementes.**

Tendo-se o ordenamento com base em valores genéticos, pode-se obter ganhos adicionais substanciais através da determinação do número ideal de rametes com que cada clone deve participar no pomar de sementes, procurando-se alocar maior número de rametes dos indivíduos com maiores valores genéticos. Porém, isto exige cuidados ainda maiores com a distribuição espacial dos clones.

O mesmo se aplica em relação à população de melhoramento, onde o conhecimento do valor genético dos clones permitirá a predição da descendência a priori, permitindo a seleção de cruzamentos a serem realizados com vistas ao teste de progênie do subsequente ciclo de seleção. Isto permite definir quantas vezes e com quantos indivíduos cada genótipo selecionado deverá ser cruzado e garante a geração de famílias sabidamente boas para serem avaliadas. Portanto, o conhecimento dos valores genéticos é um fator decisivo na maximização do ganho genético na população de melhoramento.

Assim, a seleção com base em valores genéticos e genotípicos apresenta uma série de vantagens e deve ser utilizada no melhoramento florestal, preferencialmente aos métodos de seleção com base em valores fenotípicos (seleção massal, entre e dentro de progênies).

## **4. CONCLUSÕES**

- Os coeficientes de ponderação e expressões de ganho associados à estimação de valores genéticos pela seleção combinada, para o delineamento em blocos casualizados com várias plantas por parcela, diferem daqueles

apresentados por Lush e Falconer.

- A seleção com base em valores genéticos deve ser utilizada no melhoramento florestal pois, além de propiciar maior ganho genético (30% e 35% de superioridade para altura e DAP, respectivamente, no presente exemplo), apresenta uma série de vantagens práticas, desde a concepção dos experimentos até a geração de famílias para avaliação no ciclo subsequente.
- Grandes erros poderão ocorrer se os indivíduos selecionados para a reprodução via sementes forem utilizados para clonagem.

## 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ÀRBEZ, M.; BARADAT, P.; MAUGE, J.P.; MILLIER, C.; BADIA, J. Some problems related to use of selection indices in forest tree breeding. IN: IUFRO JOINT MEETING, Stockholm. **Proceedings**. Stockholm: IUFRO, 1974, p. 97-116.
- BARADAT, P. Use of juvenile - mature relationships and information from relatives in combined multitrait selection. In: IUFRO JOINT MEETING, 1976, Bordeaux. **Proceedings**. Bordeaux: IUFRO, 1976, p.121-138.
- BRIQUET JÚNIOR, R. **Melhoramento genético animal**. São Paulo: Melhoramentos/USP, 1967. 269p.
- COTTERILL, P.P. Genetic gains expected from alternative breeding strategies including simple low cost options. **Silvae Genetica**, v.35, n.5-6, p.112-223, 1986.
- COTTERILL, P.P.; DEAN, C.A. **Successful tree breeding with index selection**. Canberra: CSIRO-Div. Forestry & Forest Products, 1990. 80p.
- EMBRAPA. CNPF, Colombo, PR. **Relatório de cooperação técnica (EMBRAPA/CENIBRA) em melhoramento genético de *Eucalyptus grandis***. Colombo, 1991. 20p. Não publicado.
- FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. London: O.Boyd, 1960.365p.
- HENDERSON, C.R. Selection index and expected genetic advance. In: HANSON,W.D.; ROBINSON,H.F. **Statistical genetics and plant breeding**. Whashington: NAS-NRC, 1963. p.141-163. (NAS-NRC. PUBLICATION, 982).
- HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF J. LUSH, 1973, Champaign. p.10-41.
- HIGA, A.R.; RESENDE, M.D.V.; SOUZA, S.M. Programas de melhoramento genético de *Eucalyptus* no Brasil. In:O DESAFIO DAS FLORESTAS NEOTROPICAIS, 1991, Curitiba. **O desafio ...** Curitiba: Universidade Federal do Paraná, 1991. p.86-100.
- KAGEYAMA, P.Y. **Varição genética em uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. Piracicaba: ESALQ/USP.1980. 125p. Tese Doutorado.
- KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**, New York: J. Wiley, 1957. 545p.
- LUSH, J.L. The number of daughters necessary to prove a sire. **Journal of Dairy Science**, v.14, p. 209-220, 1931.

- LUSH, J.L. Progeny test and individual performance as indicators of an animal's breeding value. **Journal of Dairy Science**, v.18, p.1-19, 1935.
- LUSH, J.L. **Animal breeding plans**. 3.ed. Ames: State College Press, 1945. 443p.
- LUSH, J.L. Family merit and individual merit as bases for selection. **American Naturalist**, v.81, p. 241-261, 1947.
- MC KEAND, S; BEINEKE, F. Sublining for half-sib breeding populations of forest trees. **Silvae Genetica**, v.29, n.1, p.14-17, 1980.
- MORI, E.S, KAGEYAMA, P.Y.; FERREIRA, M. Variação genética e interação progênes X locais em *Eucalyptus urophylla*. **IPEF**, n.39, p.53-63, 1988.
- PEREIRA. M.B.; VENCOSKY, R. Limites da seleção recorrente I. Fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.23, n.7, p.769-780, 1988.
- RAWLINGS, J.O. Present status of research on long and short-term recurrent selection in finite populations; choice of population size. In: NAMKOONG, G.; STERN, K. **Meeting of working group on quantitative genetics**. New Orleans: USDA. Southern For. Exp. Sta., 1970. p. 1-15.
- RESENDE, M.D.V. Correções nas expressões do progresso genético com seleção em função da amostragem finita dentro de famílias e populações e implicações no melhoramento florestal. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n.22/23, 1991. No prelo.
- RESENDE, M.D.V. de; OLIVEIRA, E.B. de; HIGA, A.R. Utilização de índices de seleção no melhoramento de eucalipto. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n.20, p.1-13, 1990.
- RESENDE, M.D.V. de; VENCOSKY, R. Condução e utilização de bancos de conservação genética de espécies de eucalipto. **Silvicultura**, n.42, v.3, p. 434-439, 1990.
- STONECYPHER, R.; ARBEZ, M. Methods of selection. In: IUFRO CONFERENCE, 1976, Bordeaux. **Proceedings**. Bordeaux: IUFRO, 1976. p.31-46.
- VAN WYK, G. Genetic improvement of timber yield and wood quality in *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. I. Genetic parameters of growth characteristics. **South African Forestry Journal**, n.153, p.1-11, 1990.