

MAXIMIZAÇÃO DA EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO EM TESTES DE PROGÊNIES DE *Eucalyptus* ATRAVÉS DA UTILIZAÇÃO DE TODOS OS EFEITOS DO MODELO MATEMÁTICO

Marcos Deon Vilela de Resende^{*}
Antonio Rioyei Higa^{**}

RESUMO

A seleção de indivíduos em testes de progênies, empregados no melhoramento de *Eucalyptus* no Brasil, normalmente é baseada em apenas duas fontes de informação: o desvio do valor individual em relação à média da família no bloco e o desvio da média de família em relação à média geral do teste. O emprego destas duas fontes de informação permite a aplicação dos métodos denominados seleção entre e dentro de progênies e seleção combinada. Demonstrou-se, nesse trabalho, que utilizando apenas estas duas fontes de informação, frações da variância genética aditiva não são consideradas na seleção, pois são retidas nos efeitos de parcela e de bloco. O trabalho apresenta também, através de desenvolvimento teórico e aplicado, o procedimento de seleção que maximiza o progresso genético em um caráter, através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. Este procedimento aplicado às situações reais de melhoramento (em *Eucalyptus grandis*) conduziu a eficiências seletivas variando de 4,2% a 7,0%, superiores ao procedimento normalmente usado (seleção combinada). O método é prontamente aplicável e não acarreta custo adicional à seleção.

PALAVRAS-CHAVE: Modelos lineares aplicados, índice multi-efeitos, maximização de ganho - um caráter, covariância genética, *Eucalyptus*-produtividade.

MAXIMIZATION OF THE SELECTION EFFICIENCY IN *Eucalyptus* PROGENY TESTS BY USING ALL EFFECTS OF THE MATHEMATICAL MODEL

ABSTRACT

Individual selection in progeny tests of *Eucalyptus* in Brazil is based only on two sources of information: within plot and family effects. The utilization of these two sources provides the application of the selection methods named family/within family selection and combined selection. In this paper, it was found that fractions of additive genetic variance are not considered in the selection methods based only on these informations. However, these fractions of additive genetic variance are confounded on the plot and block effects. This paper presents a procedure that maximizes the

* 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.

genetic gain in one trait by using all effects of the linear model. This procedure applied to actual breeding's situations (in *Eucalyptus grandis*) furnished relative superiorities ranging from 4.2% to 7.0% over combined selection. The method is readily applicable and does not imply additional costs to selection.

KEY-WORDS: Applied Linear Models, multi-effects index, gain maximization - one trait, genetic covariance, *Eucalyptus* -productivity.

1. INTRODUÇÃO

Em testes de progênies empregados no melhoramento de *Eucalyptus* no Brasil, normalmente são utilizadas, na seleção, apenas duas fontes de informação: o desvio do valor individual em relação à média da família no bloco e o desvio da média de famílias em relação à média geral do teste. O emprego destas duas fontes de informação permite a aplicação dos métodos denominados seleção entre e dentro de progênies (KAGEYAMA, 1980; KAGEYAMA & VENCOSKY, 1983; RESENDE, 1991) e seleção combinada (RESENDE & HIGA, 1991; BUENO FILHO, 1992).

Entretanto, em esquemas de melhoramento sem o emprego de sementes remanescentes e com baixo número de plantas por parcela nos experimentos, utilizando-se apenas estas duas fontes, percebe-se que frações da variância genética aditiva não são consideradas na seleção, pois são retidas nos efeitos de parcela e de blocos, efeitos esses que também propiciam correção para efeitos ambientais. Teoricamente, a utilização de todos os efeitos do modelo conduzem à maximização da precisão na seleção, muito embora, em muitos casos, a inclusão dos efeitos de parcela e blocos podem pouco alterar a seleção.

Assim sendo, o presente trabalho tem como objetivo apresentar, do ponto de vista teórico e prático, as implicações e situações vantajosas do emprego de todos os efeitos do modelo na seleção, visando o melhoramento de *Eucalyptus*.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Definição do índice de seleção

Os testes de progênies delineados a campo normalmente obedecem ao seguinte modelo linear: $Y_{ijk} = u + b_j + p_i + e_{ij} + d_{ijk}$, onde:

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

b_j = efeito de bloco, aleatório, $E(b_j) = 0$ e $E(b_j^2) = \sigma_b^2$

p_i = efeito da progênie, aleatório, $E(p_i)=0$ e $E(p_i^2) = \sigma_p^2$

e_{ij} = efeito da parcela ij, aleatório, $E(e_{ij})=0$ e $E(e_{ij}^2) = \sigma_e^2$

d_{ijk} = efeito do indivíduo k dentro da parcela ij, aleatório, $E(d_{ijk})=0$ e $E(d_{ijk}^2) = \sigma_d^2$

Reescrevendo os efeitos do modelo, em termos de desvios, têm-se que:

$$Y_{ijk} = \bar{Y}_{...} + (Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) + (\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...}) + (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + (\bar{Y}_{.j.} - \bar{Y}_{...}),$$

de forma que $Y_{ijk} = Y_{ijk}$, onde:

$\bar{Y}_{...}$	= efeito da média geral
$(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.})$	= efeito do indivíduo dentro da parcela
$(\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...})$	= efeito da parcela
$(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})$	= efeito da progênie
$(\bar{Y}_{.j.} - \bar{Y}_{...})$	= efeito do bloco
$\bar{Y}_{i..}$	= média da família no ensaio
$\bar{Y}_{ij.}$	= média da família em determinado bloco (média da parcela)
Y_{ijk}	= valor individual
$\bar{Y}_{.j.}$	= média do bloco.

Um índice usando todas essas fontes de informação descritas acima tem a seguinte forma:

$$I = b_1(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) + b_2(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + b_3(\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...}) + b_4(\bar{Y}_{.j.} - \bar{Y}_{...})$$

2.2. Covariância entre os efeitos incluídos nos índices e o valor genético aditivo (a) sendo estimado

Definem-se as seguintes notações: variância aditiva (σ_A^2), número de plantas por parcela (n = média harmônica de número de plantas por parcela), número de repetições (b), número de progênies (p), coeficiente da covariância genética aditiva entre os indivíduos do tipo de família não endógama considerada ($r=1/4$ para meios irmãos e $1/2$ para irmãos germanos), covariância mãe-filho (COV(MF)). COV(MTS ou TS) equivale à covariância meio tio-sobrinho, quando as progênies sob avaliação são

de meios-irmãos e a covariância tio-sobrinho quando as progênes são de irmãos germanos.

Têm-se as seguintes covariâncias considerando a seleção em ambos os sexos^(*)

$$\text{COV}(A, Y_{ijk}) = 2\text{COV}(\text{MF}) = \sigma_A^2$$

$$\text{COV}(A, \bar{Y}_{ij.}) = \frac{1}{n} 2\text{COV}(\text{MF}) + \frac{(n-1)}{n} 2\text{COV}(\text{MTS ou TS}) = \frac{1}{n} \sigma_A^2 + \frac{(n-1)r}{n} \sigma_A^2$$

$$\text{COV}(A, \bar{Y}_{i..}) = \frac{1}{nb} 2\text{COV}(\text{MF}) + \frac{(nb-1)}{nb} 2\text{COV}(\text{MTS ou TS}) = \frac{1}{nb} \sigma_A^2 + \frac{(nb-1)r}{nb} \sigma_A^2$$

$$\text{COV}(A, \bar{Y}_{.j.}) = \frac{1}{np} 2\text{COV}(\text{MF}) + \frac{(n-1)}{np} 2\text{COV}(\text{MTS ou TS}) = \frac{1}{np} \sigma_A^2 + \frac{(n-1)r}{np} \sigma_A^2$$

$$\text{COV}(A, \bar{Y}_{...}) = \frac{1}{npb} 2\text{COV}(\text{MF}) + \frac{(nb-1)}{npb} 2\text{COV}(\text{MTS ou TS}) = \frac{1}{npb} \sigma_A^2 + \frac{(nb-1)r}{npb} \sigma_A^2$$

A seguir são descritas as covariâncias para cada efeito, efetuando-se as devidas operações.

a. Efeito de indivíduo dentro de parcela

$$\text{COV}[A, (Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.})] = \text{COV}(A, Y_{ijk}) - \text{COV}(A, \bar{Y}_{ij.}) = \{[(n-1)(1-r)]/n\} \sigma_A^2$$

b. Efeito de progênie

$$\text{COV}[A, (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})] = \text{COV}(A, \bar{Y}_{i..}) - \text{COV}(A, \bar{Y}_{...}) = \frac{(p-1)[1+(nb-1)r]}{p \quad nb} \sigma_A^2$$

* A covariância entre a unidade de seleção e a população melhorada, para a seleção em ambos os sexos, equivale à covariância entre o valor genético aditivo dos candidatos à seleção e a unidade de seleção, já que o valor genético de um indivíduo equivale à soma dos efeitos médios dos genes que ele possui.

c. Efeito de parcela

$$\text{COV}[A, (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{...})] = \text{COV}(A, \bar{Y}_{ij}) - \text{COV}(A, \bar{Y}_{i.}) - \text{COV}(A, \bar{Y}_{.j}) + \text{COV}(A, \bar{Y}_{...})$$

$$\text{COV}[A, (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{...})] = \frac{(b-1)(p-1)(1-r)}{b p n} \sigma_A^2$$

d. Efeito de bloco

$$\text{COV}[A, (\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{...})] = \text{COV}(A, \bar{Y}_{.j}) - \text{COV}(A, \bar{Y}_{...}) = \frac{(b-1)(1-r)}{b np} \sigma_A^2$$

O somatório das 4 covariâncias (ítems a, b, c, d) equivale à $\sigma_A^2 - \text{COV}(A, \bar{Y}_{...})$, ou seja, utilizando o índice descrito acima, da variância aditiva total apenas a fração $\text{COV}(A, \bar{Y}_{...}) = [1 / (npb)] \sigma_A^2 + [(nb-1)r \sigma_A^2] / (npb) = [1 + (nb-1)r \sigma_A^2] / (npb)$

não é explorada na seleção. Isto porque $\bar{Y}_{...}$ é o efeito fixo do modelo e, portanto, constante, de forma que o mesmo não afeta o mérito relativo dos candidatos à seleção.

Entretanto, pela expressão de $\text{COV}(A, \bar{Y}_{...})$, constata-se que a mesma tende a zero quando os números de indivíduos avaliados nos experimentos atingem magnitudes razoáveis. Em outras palavras, quanto menor for o tamanho da população do experimento, mais variância aditiva se perde na seleção, variância essa que é retida no efeito da média geral. Este é o efeito da amostragem populacional finita, na eficiência da seleção.

As covariâncias descritas nos ítems a e b foram descritas por RESENDE (1991). Das novas covariâncias descritas nos ítems c e d, aquela referente ao efeito de blocos assume o menor valor, já que é função inversa do produto do número de plantas por parcela pelo número de progênies avaliadas. Assim, em experimentos com tamanhos razoáveis, os efeitos de bloco poderão ser negligenciados, visto que a covariância com o valor genético atingirá magnitudes desprezíveis. Essa baixa covariância genética já era esperada, visto que a média de blocos não representa nenhuma entidade genética.

Por outro lado, a covariância entre o valor genético aditivo e o efeito de parcelas é função inversa somente do número de plantas por parcela, de forma que, com n baixo, essa covariância pode assumir valores consideráveis.

2.3. Variâncias (Var) associadas aos efeitos incluídos no índice

a. Efeito de indivíduo dentro de parcela

$$\text{Var}(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) = E(Y_{ijk}^2) - 2E(Y_{ijk} \bar{Y}_{ij.}) + E(\bar{Y}_{ij.}^2) = (n-1) / n \sigma_d^2$$

b. Efeito de progênie

$$\text{Var}(\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{...}) = E(\bar{Y}_{i.}^2) - 2E(\bar{Y}_{i.}\bar{Y}_{...}) + E(\bar{Y}_{...}^2) = (p-1)/p(\sigma_p^2 + \sigma_e^2/b + \sigma_d^2/nb)$$

c. Efeito de parcela

$$\text{Var}(\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...}) = E(\bar{Y}_{ij.}^2) + E(\bar{Y}_{i.}^2) + E(\bar{Y}_{.j.}^2) + E(\bar{Y}_{...}^2) - 2E(\bar{Y}_{ij.}\bar{Y}_{i.}) - 2E(\bar{Y}_{ij.}\bar{Y}_{.j.}) + 2E(\bar{Y}_{ij.}\bar{Y}_{...}) + 2E(\bar{Y}_{i.}\bar{Y}_{.j.}) - 2E(\bar{Y}_{i.}\bar{Y}_{...}) - 2E(\bar{Y}_{.j.}\bar{Y}_{...})$$

$$\text{Var}(\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...}) = \frac{(p-1)(b-1)}{pb}(\sigma_e^2 + \sigma_d^2/n)$$

d. Efeito de bloco

$$\text{Var}(\bar{Y}_{.j.} - \bar{Y}_{...}) = E(\bar{Y}_{.j.}^2) - 2E(\bar{Y}_{.j.}\bar{Y}_{...}) + E(\bar{Y}_{...}^2) = ((b-1)/b)(\sigma_b^2 + \sigma_s^2/p + \sigma_d^2/np)$$

$\sigma_b^2, \sigma_p^2, \sigma_e^2$ e σ_d^2 equivalem aos componentes de variância entre blocos, entre progênies, entre parcelas e dentro de parcelas, respectivamente.

2.4. Coeficientes de ponderação do índice

Os coeficientes de ponderação do índice são determinados de forma que a correlação entre o índice e o valor genético seja máxima. Essa maximização ocorre através da regressão do valor genético sobre os valores fenotípicos, o que conduz ao seguinte sistema matricial (HENDERSON, 1963), o qual já foi aplicado a situações de melhoramento florestal no Brasil (RESENDE et alii, 1990; RESENDE & HIGA, 1991):

$Pb=G$, onde P é a matriz de covariâncias fenotípicas entre os efeitos incluídos no índice, G é o vetor coluna de covariâncias entre os efeitos incluídos no índice e o valor genético sendo estimado, e b é o vetor coluna dos coeficientes de ponderação do índice.

Considerando as variâncias e covariâncias, já derivadas nos itens 2.2 e 2.3, as matrizes assumem o seguinte formato:

$$\begin{bmatrix} \frac{(n-1)}{n}\sigma_d^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{(p-1)}{p}\left(\sigma_p^2 + \frac{\sigma_e^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nb}\right) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{(p-1)(b-1)}{pb}\left(\sigma_e^2 + \frac{\sigma_d^2}{n}\right) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \frac{(b-1)}{b}\left(\sigma_b^2 + \frac{\sigma_s^2}{p} + \frac{\sigma_d^2}{np}\right) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{(n-1)(1-r)}{n}\sigma_A^2 \\ \frac{(p-1)}{p}\frac{1+(nb-1)r}{nb}\sigma_A^2 \\ \frac{(1-r)(b-1)(p-1)}{nb}\sigma_A^2 \\ \frac{(b-1)(1-r)}{np}\sigma_A^2 \end{bmatrix}$$

A matriz P é diagonal, em função das covariâncias entre os efeitos do modelo matemático serem nulas. Assim sendo, os coeficientes do índice correspondem às herdabilidades associadas aos efeitos de indivíduo dentro de parcelas (h_d^2), de família (h_m^2), de parcela (h_p^2) e de blocos (h_b^2), de forma que:

$$\begin{aligned} b_1 = h_d^2 &= \frac{(1-r)\sigma_A^2}{\sigma_d^2} \\ b_2 = h_m^2 &= \frac{[1+(nb-1)r]\sigma_A^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2/b + \sigma_d^2/nb} \\ b_3 = h_p^2 &= \frac{[(1-r)/n]\sigma_A^2}{\sigma_e^2 + \sigma_d^2/n} \\ b_4 = h_b^2 &= \frac{[(1-r)/np]\sigma_A^2}{\sigma_b^2 + \sigma_e^2/p + \sigma_d^2/np} \end{aligned}$$

No Apêndice 1, são apresentadas as expressões simplificadas dessas herdabilidades, especificamente para o caso de famílias de meios-irmãos.

Dessa forma, o índice pode ser reescrito como:

$$I = h_d^2(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij}) + h_m^2(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + h_p^2(\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...}) + h_b^2(\bar{Y}_{.j.} - \bar{Y}_{...}) \quad (1)$$

Desenvolvendo-se este índice, obtém-se um índice de aplicação prática mais fácil, o qual permite ponderar diretamente os valores fenotípicos, sem a necessidade de se calcular os desvios. Esse índice assume a seguinte forma:

$$I = h_d^2(Y_{ijk}) + (h_p^2 - h_d^2)\bar{Y}_{ij.} + (h_b^2 - h_p^2)\bar{Y}_{.j.} + (h_m^2 - h_p^2)\bar{Y}_{i..} + (h_p^2 - h_b^2 - h_m^2)\bar{Y}_{...} \quad (2)$$

O último termo da expressão do índice pode ser desconsiderado na obtenção dos índices, pois pondera uma constante, a qual não afeta o mérito genético.

Comparado com o índice apresentado por RESENDE & HIGA(1991): ($I = h_d^2(Y_{ijk}) - h_d^2(\bar{Y}_{ij.}) + h_m^2(\bar{Y}_{i..}) - h_m^2(\bar{Y}_{...})$), baseado em apenas duas fontes de informação (desvio do indivíduo e da média geral de progênes), observa-se que os coeficientes atribuídos, no presente caso, à média de família é menor, à média de parcela é maior e ao indivíduo é idêntico, aos coeficientes do índice apresentado por RESENDE & HIGA (1991). Isto revela que o índice do presente trabalho é mais preciso, pois tende a corrigir a defasagem existente entre a média da família no bloco e a média geral da família.

2.5. Progresso genético com seleção baseada no índice.

Aplicando o índice completo, conforme descrito na equação (2), o progresso genético corresponde à média dos índices selecionados, uma vez que os índices correspondem aos valores genéticos (VG) individuais menos a média, ou seja, $I=VG-u$, de forma que $VG=u+I$, ou seja, I corresponde ao acréscimo dado à média geral(u), devido à seleção.

Em termos de diferencial de seleção estandardizado, o progresso é dado por:

$$G_S = k\sigma_I \cdot (\text{COV AI}) / \sigma_I^2 = k\sigma_I \sigma_I^2 / \sigma_I^2 = k\sigma_I, \text{ onde:}$$

$$\sigma_I^2 = (h_d^2)^2 V_d + (h_p^2)^2 V_p + (h_m^2)^2 V_m + (h_b^2)^2 V_b \text{ onde:}$$

V_d , V_p , V_m e V_b são as variâncias fenotípicas associadas aos efeitos de indivíduo dentro de parcela, de parcela, de famílias e de blocos, respectivamente, as quais estão detalhadas na matriz P e no item 2.3.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Visando estudar o efeito da inclusão das novas fontes de informação, foram utilizados dados referentes a um experimento com *Eucalyptus grandis*, instalado no delineamento de blocos casualizados, com 39 progênies de meios irmãos de uma população, 6 repetições e 6 plantas por parcela. Os parâmetros estimados a partir deste experimento encontram-se na Tabela 1.

TABELA 1. Parâmetros genéticos e fenotípicos e constantes experimentais utilizados no estudo

	σ_p^2	σ_e^2	σ_d^2	σ_b^2	h_d^2	h_p^2	h_m^2	h_b^2	σ_d^2/σ_e^2	n	b	p	CV%	h_I^2
Altura	0,335	1,57	4,20	1,77	0,24	0,074	0,49	0,002	2,68	6	6	39	8,0	0,22
DAP	0,272	0,519	5,67	0,321	0,14	0,091	0,53	0,010	11,29	6	6	39	10,18	0,16

* Toda a simbologia usada encontra-se descrita em detalhes na metodologia.

Constata-se, pela Tabela 1, que as estimativas do parâmetro herdabilidade a nível de indivíduo mostram magnitudes próximas à média desse parâmetro relatada em literatura (20%), para os caracteres altura e DAP. Também, o experimento apresentou boa precisão experimental, conforme corroborado pelos CV's. Assim sendo, este conjunto de dados representa um bom material para um estudo de simulação.

Na Tabela 1, constata-se que as estimativas da herdabilidade referente aos

efeitos de parcela apresentaram magnitudes consideráveis (7,4% e 9,1% para altura e DAP, respectivamente), enquanto que as referentes aos efeitos de blocos foram negligenciáveis.

Na Tabela 2, são apresentados os valores assumidos pelas herdabilidades associadas aos efeitos em função da variação no tamanho do experimento.

TABELA 2. Valores assumidos (em percentagem), pelos parâmetros h_d^2 , h_p^2 , h_m^2 e h_b^2 em função da variação no tamanho do experimento (o número de repetições foi fixado em 6, já que afeta apenas a h_m^2), para o caráter DAP, considerando progênies de meios-irmãos.

n	p	h_d^2	h_p^2	h_m^2	h_b^2
3	10	14,0	11,0	46,4	5,0
	20	14,0	11,0	46,4	3,1
	30	14,0	11,0	46,4	2,3
6	10	14,0	9,1	53,0	2,90
	20	14,0	9,1	53,0	1,72
	30	14,0	9,1	53,0	1,22
10	10	14,0	7,4	62,6	1,89
	20	14,0	7,4	62,6	1,09
	30	14,0	7,4	62,6	0,80

Constata-se pela Tabela 2, que quanto mais baixo o número de indivíduos por parcela, maior a importância das herdabilidades referentes aos efeitos de parcela e de blocos, em relação às herdabilidades entre e dentro de famílias. Em outras palavras, as herdabilidades dos efeitos de parcela e blocos aumentam, enquanto aquela entre famílias diminui, com a diminuição do número de plantas por parcela. Por outro lado, a herdabilidade associada ao efeito de indivíduo dentro de parcela é invariável com o número de plantas por parcela.

Considerando a variação do número de plantas por parcela normalmente utilizado para experimentos de melhoramento de *Eucalyptus* no Brasil, observa-se que, para o presente caso, as herdabilidades dos efeitos de parcela atingiram 52,9%, 65% e 78,6% da herdabilidade dentro de progênies na parcela, para experimentos com 10, 6 e 3 plantas por parcela, respectivamente. Essas magnitudes relativas são consideráveis, o que, de maneira geral, pode justificar a inclusão dos efeitos de parcela nos processos de seleção combinada. É importante mencionar que, com 6 e 3 plantas por parcela, 12,5% e 25% da variância genética aditiva ficam retidos no efeito de parcela, respectivamente.

Quanto à herdabilidade do efeito de bloco, que depende conjuntamente do

numero de plantas por parcela e do número de progênies avaliadas, verifica-se que a mesma assume valores negligenciáveis com número de plantas por parcela igual ou superior a 6 e número de progênies maior que 10. Apenas para número de plantas por parcela menor ou igual a 3 e número de progênies por população menor ou igual 10 ou qualquer outra combinação de n e p menor que 30, as herdabilidades dos efeitos de blocos assumirão valores consideráveis (> 5%), justificando a inclusão deste efeito nos índices de seleção.

Na Tabela 3, são apresentados os coeficientes multiplicadores dos valores fenotípicos médias de parcela, médias de progênies, valores individuais e médias de blocos, bem como superioridades relativas da seleção baseada em diferentes unidades de seleção.

TABELA 3. Multiplicadores dos valores fenotípicos, incluídos no índice, bem como superioridade relativa* (G_s) da seleção com base em diferentes unidades de seleção, visando ganho em volume.

	b_l	b_m	b_p	b_b	$G_{S1}(\%)$	$G_{S2}(\%)$	$G_{S3}(\%)$
Altura	0,24	0,42	-0,17	-0,07	-	-	-
DAP	0,14	0,44	-0,05	-0,08	-	-	-
VOL	-	-	-	-	0	4,2	4,2

* Ganho adicional, em percentagem daquele já obtido pelo método padrão (seleção combinada).

b_l , b_m , b_p e b_b - multiplicadores dos valores fenotípicos individuais, das médias de progênies, das médias de parcelas e das médias de blocos, respectivamente.

G_{S1} , G_{S2} e G_{S3} - Eficiência da seleção baseada em índice incluindo: efeito de família e de indivíduo(método padrão); efeito de família, de indivíduo e de parcela; efeito de família, indivíduo, parcela e bloco, respectivamente.

K- 2,063 considerando a intensidade de seleção de 5%.

Verifica-se, pela Tabela 3, que os pesos dados às médias de parcelas e médias de blocos são negativos. Isto ocorre porque as médias de parcela e de blocos funcionam mais como fatores de correção para os efeitos ambientais do que como informantes do valor das entidades genéticas família e indivíduo.

Quanto à eficiência seletiva relativa, verifica-se que a mesma foi ligeiramente superior para o índice 2 em comparação com o índice 1. Por outro lado, o índice 3 mostrou progresso genético idêntico ao obtido pelo índice 2, corroborando o resultado da simulação realizada (Tabela 2), que indica que, com 6 plantas por parcela e p maior que 10 progênies (no presente caso p=39 progênies), não se obtém vantagem em incluir o efeito de blocos no índice.

Apesar da pequena vantagem em incluir o efeito de parcelas, no presente caso, verifica-se um ganho a mais em volume (calculado levando-se em consideração que a estimativa da correlação genética entre altura e DAP($rg=0,995$), praticamente equivaleu a 1), em relação ao obtido pelo índice sem o efeito de parcelas. Esse ganho, embora seja pequeno, representa muito, considerando-se que as áreas de plantio abrangem grandes extensões. É importante ressaltar que esse progresso

adicional não implica em custo algum, mas simplesmente decorre da utilização de um processo de seleção mais elaborado.

Outro aspecto importante refere-se ao fato de que a sobrevivência de um teste não é 100% e que o n a ser empregado nas expressões dos coeficientes de ponderação deve ser a média harmônica do número de plantas vivas por parcela (n'). Considerando, por exemplo, uma sobrevivência média de 80% (valor comum nos experimentos), o n' será inferior a 5 e, conseqüentemente, será maior o retorno da inclusão dos efeitos de parcela no índice.

Na Tabela 4, são apresentadas as superioridades relativas através da inclusão dos efeitos de parcela e de blocos, para diferentes tamanhos de experimento.

TABELA 4. Superioridade relativa* com a inclusão dos efeitos de parcela (I_2) e de blocos (I_3), para diferentes tamanhos de experimento. (Ganhos em volume)

n	p	I_2	I_3
6	39	4,2%	4,2%
3	20	5,6%	5,6%
3	10	6,0%	6,5%

* Ganho adicional, em percentagem daquele já obtido pelo método padrão (seleção combinada).

Constata-se, pela Tabela 4, que a inclusão do efeito de blocos resultou em aumento do ganho em volume apenas na situação com 3 plantas por parcela e 10 progênies, confirmando as inferências realizadas a partir da Tabela 1. Assim sendo, é esperado benefício com a inclusão deste efeito apenas em ensaios com reduzido número de progênies, tais como aqueles adotados na estratégia de sublinhas, em que, geralmente, se avaliam poucos cruzamentos por sublinha. McKEAND & BRIDGWATER (1992) descreveram um esquema que prevê a avaliação de 6 cruzamentos (progênies). Também, para experimentos com uma planta por parcela e número de progênies inferior a 30, a inclusão do efeito de bloco poderá trazer benefícios. Por outro lado, a inclusão dos efeitos de parcela mostrou-se benéfica em todos os casos estudados (Tabela 4).

Visando estudar os efeitos da aplicação deste novo método de seleção no programa de melhoramento de *Eucalyptus* coordenado pela EMBRAPA, foi composta a tabela 5, baseando-se no fato de que a rede experimental foi instalada com 6 plantas por parcela, o número médio de progênies por procedência é 20 e os dois números de progênies mais frequentes (modas) são 25 e 10.

TABELA 5. Benefícios do novo método de seleção à rede experimental de *Eucalyptus* no Brasil.

nº. de progênes	nº. de plantas por parcela	Superioridade relativa (%) pela utilização do novo método.
25	6	4,2
25	Intermediário (3-6)	4,9
25	3	5,6
20	6	4,2
20	Intermediário (3-6)	4,9
20	3	5,6
10-20	6	4,9
10-20	Intermediário (3-6)	5,5
10-20	3	6,1
10	6	5,6
10	Intermediário (3-6)	6,1
10	3	6,5

Para interpretação da Tabela 5, deve-se considerar que a sobrevivência da rede experimental situa-se no intervalo de 50% a 100% por parcela, com média em torno de 80%. Como o n a ser empregado nos estimadores do índice refere-se à média harmônica do número de plantas vivas, deve-se considerar o n como contido no intervalo 3 a 6, de forma que a média dos resultados obtidos com 3 e 6 plantas deverá ser um valor mais próximo do real.

Assim sendo, para ensaios com 20 e 25 progênes, haverá um ganho em eficiência relativa de 4,9%; para ensaios com número de progênes entre 10 e 20, o ganho médio em eficiência deverá ser de 5,5%; e para ensaios com 10 progênes, a superioridade relativa equivalerá a 6,1%. É importante mencionar que essas superioridades são referentes à inclusão de apenas 2 caracteres na seleção (altura e diâmetro). Com o emprego de mais caracteres na seleção, esta superioridade relativa tende a aumentar. RESENDE et alii (1993), empregando os caracteres altura, diâmetro e volume, avaliados em duas idades, observaram uma superioridade relativa de 7,03%, com a inclusão do efeito de parcela.

Quanto à preservação do tamanho efetivo populacional, o presente método é mais vantajoso que a tradicional seleção combinada, pois reduz o peso dado à média geral de famílias, de forma a permitir uma melhor distribuição dos indivíduos selecionados nas várias famílias. Isto pode ser confirmado através das expressões

$$I = h_d^2(Y_{ijk}) + (h_p^2 - h_d^2)\bar{Y}_{ij} + (h_b^2 - h_p^2)\bar{Y}_{.j} + (h_m^2 - h_p^2)\bar{Y}_{i..} + (h_p^2 - h_b^2 - h_m^2)\bar{Y}...$$

referente ao índice sugerido no presente estudo

$I = h_d^2(\bar{Y}_{ijk}) - h_d^2(\bar{Y}_{ij.}) + h_m^2(\bar{Y}_{i..}) - h_m^2(\bar{Y}_{...})$. No presente estudo pesos dados à média de família tiveram as suas magnitudes reduzidas de 12 a 24% (obtidos a partir da Tabela 2) em relação aos que seriam empregados na tradicional seleção combinada.

Ainda com referência ao tamanho efetivo populacional, é importante salientar que seleções mais acuradas são extremamente importantes na diminuição da perda de alelos favoráveis devido à deriva genética, associada aos processos seletivos (PEREIRA & VENCOVSKY, 1988).

Os benefícios de emprego deste novo índice, embora possam ser pequenos em alguns casos, não implicam em custos adicionais ao processo seletivo, de forma que recomenda-se a utilização generalizada do mesmo, pois, independentemente do tamanho do experimento, tal índice conduz ao máximo progresso genético com seleção, possível de ser conseguido em um experimento. É sobretudo indicada a adoção deste índice nos programas genéticos-estatísticos de computador desenvolvidos especificamente para a área florestal (em que experimentos com pequeno número de indivíduos são comuns), tal como o descrito por OLIVEIRA et al (1990), pois em geral estes programas são amplamente utilizados, independentemente do tamanho dos experimentos.

Especificamente para o caso do delineamento de blocos ao acaso com 1 planta por parcela, o índice para estimação dos valores genéticos equivale a $I = b_1(\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..}) + b_2(\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}) + b_3(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})$, sendo que os estimadores dos b's derivados são apresentados no Apêndice 2. Substituindo-se os b's pelas herdabilidades apropriadas e expandindo-se o índice, tem-se: $I = (h_m^2 - h_p^2)\bar{Y}_{i.} + (h_p^2)\bar{Y}_{ij} + (h_b^2 - h_p^2)\bar{Y}_{.j} + (h_p^2 - h_m^2 - h_b^2)\bar{Y}_{..}$. Verifica-se que este índice é vantajoso, pois o ponderador dos valores individuais equivale a $(1-r)\sigma_A^2/\sigma_e^2$, e não $(1-r)\sigma_A^2/(\sigma_e^2 + \sigma_b^2)$, conforme utilizado por DIAS et alii (1971) e RESENDE et alii (1991). Este índice é uma extensão da seleção combinada com correção dos valores individuais para o efeito de bloco, correção essa relatada por RESENDE (1991). No apêndice 3, são apresentadas expressões alternativas para as herdabilidades dos efeitos, expressadas em função de coeficientes de correlação intraclasse e da herdabilidade a nível de indivíduo.

4. CONCLUSÕES

- A seleção com base no índice multi-efeitos maximiza o progresso genético em um caráter, independentemente da estrutura experimental, e deve ser adotada nos programas computacionais destinados ao ordenamento de indivíduos com base em valores genéticos.
- A inclusão do efeito de parcela é fundamental na seleção, pois, com os tamanhos de parcela atualmente utilizados no melhoramento de *Eucalyptus* no Brasil, consideráveis frações da variância genética aditiva ficam retidas nesse efeito.
- Para experimentos com uma planta por parcela, o índice multi-efeitos é extremamente útil, eliminando a necessidade do ajuste dos valores individuais para o efeito de bloco, antes da seleção.
- Com base nas simulações realizadas, constatou-se que o índice multi-efeitos apresentou superioridade relativa à seleção combinada variando de 4% a 7,0%.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BUENO FILHO, J.S.S. **Seleção combinada versus seleção sequencial no melhoramento de populações florestais**. Piracicaba: ESALQ, 1992.96p. Tese Mestrado.
- DIAS, M.R.; VENCOSKY, R.; GODOI, C.R.M. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em brocoli ramoso (*Brassica olearacea* var. *itálica*, cultivar Santana). **Relatório Científico do Instituto de Genética**, ESALQ/USP, v.5, p.57-62, 1971.
- HENDERSON, C.R. Selection index and expected genetic advance. In: HANSON, W.D.; ROBINSON, A.F. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: NAS-NRC, 1963. p.141-163. (NAS-NRC. Pub., 982).
- KAGEYAMA, P.Y. **Variação genética em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1980. 125p.
- KAGEYAMA, P.Y.; VENCOVSKY, R. Variação genética em progênes de uma população de *Eucalyptus grandis* Hill Maiden. **IPEF**, v.24 p.9-26. 1983.
- McKEAND, S.E.; BRIDGEWATER, F.E. Third generation breeding strategy for the North Carolina State University - Industry Cooperative Tree Improvement Program In: IUFRO CONFERENCE ON BREEDING TROPICAL TREES, 1992. Cali. No prelo.
- OLIVEIRA, E.B.; RESENDE, M.D.V. de; HIGA, A.R.; Oaida, G.R.P. PAGIS - Programa de análise genética e índice de seleção em experimentos florestais. Colombo:EMBRAPA-CNPQ, 1991.
- PEREIRA, M.B.; VENCOVSKY, 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.
- RESENDE, M.D.V.; OLIVEIRA, E.B.; HIGA, A.R. Utilização de índices de seleção no melhoramento de *Eucalyptus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v.21, p.1-13, 1990.
- RESENDE, M.D.V. Correções nas expressões do progresso genético em função da amostragem finita dentro de famílias e populações e implicações no melhoramento florestal. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v.22/23, p.61-77, 1991.
- RESENDE, M.D.V.; 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**. 1991 No prelo.
- RESENDE, M.D.V.; SOUZA, S.M.; HIGA, A.R.; STEIN, P.P. Estudos de variação genética e métodos de seleção em teste de progênes de acácia-negra no Rio Grande do Sul. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v.22/23, p.45-59, 1991.
- RESENDE, M.D.V.; HIGA, A.R.; LAVORANTI, O.J. Regressão geno-fenotípica multivariada e maximização do progresso genético em programas de melhoramento de *Eucalyptus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**. 1993 No prelo.

Apêndice 1. Herdabilidade dos efeitos de família (h_m^2), indivíduo dentro de parcela (h_d^2), parcela (h_p^2) e de blocos (h_b^2), para famílias de meios irmãos. Delineamento de blocos casualizados com várias plantas por parcela.

$$h_d^2 = \frac{3/4\sigma_A^2}{\sigma_d^2}$$

$$h_m^2 = \frac{[(3+N)/(4N)]\sigma_A^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2/b + \sigma_d^2/nb}$$

$$h_p^2 = \frac{[3/(4n)]\sigma_A^2}{\sigma_e^2 + \sigma_d^2/n}$$

$$h_b^2 = \frac{[3/(4np)]\sigma_A^2}{\sigma_b^2 + \sigma_e^2/p + \sigma_d^2/np}$$

Apêndice 2. Herdabilidades dos efeitos de família (h_m^2), de parcela (h_p^2) e de blocos (h_b^2), para famílias não endógamas. Delineamento de blocos ao acaso com uma planta por parcela.

Modelo Matemático : $Y_{ij} = u + p_i + b_j + e_{ij}$

$$h_m^2 = \frac{\{[1 + (b-1)r]/b\}\sigma_A^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2/b}$$

$$h_p^2 = \frac{(1-r)\sigma_A^2}{\sigma_e^2}$$

$$h_b^2 = \frac{[(1-r)/p]\sigma_A^2}{\sigma_b^2 + \sigma_e^2/p}$$

Apêndice 3. Herdabilidades dos efeitos de indivíduo dentro de parcela (h_d^2), de família (h_m^2), de parcela (h_p^2) e de blocos (h_b^2), para o delineamento de blocos casualizados com uma e várias plantas por parcela, expressos em termos de coeficientes de correlação intra-classe e da herdabilidade a nível de indivíduo.

Delineamento de blocos casualizados com várias plantas por parcela

$$h_d^2 = \frac{1-r}{1-t_1} h_{ib}^2$$

$$h_m^2 = \frac{1+(nb-1)r}{1+(n-1)t_1+(b-1)nt_2} h_{ib}^2$$

$$h_p^2 = \frac{1-r}{1+(n-1)t_1-nt_2} h_{ib}^2$$

$$h_b^2 = \frac{1-r}{1+(n-1)t_3+(p-1)nt_4-nt_5} h_{ie}^2$$

onde:

$$h_{ib}^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2} \text{ - herdabilidade a nível de indivíduo no bloco}$$

$$t_1 = \frac{\sigma_p^2 + \sigma_e^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2} \text{ - correlação intraclasses referente a indivíduos de uma mesma família na mesma parcela (com ajuste para efeito de bloco).}$$

$$t_2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2} \text{ - correlação intraclasses referente a indivíduos de uma mesma família em diferentes parcelas (com ajuste para o efeito de bloco).}$$

$$h_{ie}^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2 + \sigma_b^2} - \text{herdabilidade a nível de indivíduo no experimento}$$

$$t_3 = \frac{\sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2 + \sigma_b^2} - \text{correlação intraclasses referente a indivíduos de uma mesma família no mesmo bloco (sem ajuste para o efeito de bloco).}$$

$$t_4 = \frac{\sigma_b^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2 + \sigma_b^2} - \text{correlação fenotípica referente a indivíduos de diferentes famílias em um mesmo bloco.}$$

$$t_5 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2 + \sigma_b^2} - \text{correlação intraclasses referente a indivíduos de uma mesma família em diferentes blocos (sem ajuste para o efeito de bloco).}$$

Delineamento de blocos casualizados com uma planta por parcela

$$h_m^2 = \frac{1 + (b - 1)r}{1 + (b - 1)t_6} h_{ib}^2$$

$$h_p^2 = \frac{1 - r}{1 - t_6} h_{ib}^2$$

$$h_b^2 = \frac{1 - r}{1 + (p - 1)t_7 - t_8} h_{ie}^2$$

onde:

$$h_{ib}^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2} - \text{herdabilidade a nível de indivíduo no bloco.}$$

$$t_6 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2} - \text{correlação intraclasse referente a}$$

indivíduos de uma mesma família em diferentes parcelas (com ajuste para o efeito de bloco).

$$t_7 = \frac{\sigma_b^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2} - \text{correlação fenotípica referente a}$$

indivíduos de diferentes famílias em um mesmo bloco.

$$t_8 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2} - \text{correlação intraclasse referente a}$$

indivíduos de uma mesma família em diferentes blocos (sem ajuste para o efeito de bloco).

$$h_{ie}^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2} - \text{herdabilidade a nível de indivíduo}$$

no experimento.