

**TAMANHO DE PARCELA, ESTIMATIVA DE PARÂMETROS E DE GANHOS GENÉTICOS EM ERVA-MATE (*Ilex paraguariensis* ST. HIL.) SEM A UTILIZAÇÃO DE TESTES DE PROGÊNIES E CLONAIS**

Marcos Deon Vilela de Resende<sup>\*</sup>  
José Alfredo Sturion<sup>\*\*</sup>  
Douglas Fabrício Prates<sup>\*\*\*</sup>  
Silvino Mendes<sup>\*\*\*\*</sup>

**RESUMO**

Foram estimados parâmetros e ganhos genéticos em uma plantação comercial de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). Os resultados revelaram uma heterogeneidade ambiental muito pequena na área avaliada. Herdabilidade, no sentido amplo, em torno de 0,8, foi estimada para volume da copa. Ganhos genéticos estimados em 100% podem ser obtidos com a seleção de clones nesta população. O tamanho ideal da parcela experimental para avaliação de progênies de erva-mate situa-se ao redor de seis plantas.

PALAVRAS-CHAVE: seleção genotípica, variação ambiental, modelos de estimação.

**PLOT SIZE AND ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS AND GAINS IN *Ilex paraguariensis* ST. HIL. WITHOUT USING PROGENY AND CLONAL TESTS**

**ABSTRACT**

Parameters and genetic gains in a population of erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) from commercial planting were estimated. The results were: environmental heterogeneity was very small in the experimental area; broad sense heritability around 0.8 was found for volume of the crown. Genetic gains around 100% can be obtained from selection of clones in this population. Adequate plot size for evaluation of progenies of erva-mate is around six plants.

KEY WORDS: genotypic selection, environmental variation, estimation models.

---

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

\*\* Eng. Florestal, Doutor, CREA n°- 47.263, Pesquisador da Embrapa - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas.

\*\*\* Acadêmico de Estatística, Setor de Ciências Exatas, Universidade Federal do Paraná -UFPR.

\*\*\*\* Técnico Florestal, CREA-PR n° 2857-TD, Assistente de Pesquisa da Embrapa - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas.

## 1. INTRODUÇÃO

A utilização de técnicas usuais de genética quantitativa no delineamento de métodos de seleção e estratégias de melhoramento genético dependem da instalação e avaliação de testes de progênie ou testes clonais. Entretanto, no melhoramento de espécies perenes, existem situações, em que a seleção necessita ser praticada em povoamentos comerciais, onde as plantas não estão estabelecidas de acordo com um delineamento experimental. Nestas situações, torna-se necessário empregar métodos não tradicionais que permitam a estimativa de parâmetros genéticos, visando o conhecimento do potencial de melhoramento dessas populações. SHRIKHANDE (1957), trabalhando com coqueiros, desenvolveu um método para decomposição dos componentes de variância sem o emprego de testes de progênies ou testes clonais. Este método foi aplicado em espécies florestais, por SAKAI & HATAKEYAMA (1963) e KEDHARNATH et al. (1969). Também, SAKAI & MUKAIDE (1967) expandiram o método, incluindo o componente de variância competicional e HUHN (1975) incluiu o coeficiente de correlação. NAMKOONG & SQUILLACE (1970) fizeram uma análise crítica do método, em termos matemáticos, especificando algumas condições para a sua validade. No Brasil, essa metodologia foi aplicada ao melhoramento de seringueira (VASCONCELLOS & VALOIS, 1986) e de cacaueteiro (VALOIS & NASCIMENTO, 1986).

O programa de melhoramento genético de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.), da EMBRAPA/CNPF, vem enfatizando, também, a seleção de plantas superiores em povoamentos comerciais, com o objetivo de explorar a variabilidade genética através da aplicação de altas intensidades de seleção e posterior ensaio de progênies, visando à confirmação da seleção de parentais e melhoramento contínuo das populações através de seleção recorrente (RESENDE et al., 1995a). Nesta fase de seleção em povoamentos comerciais, faz-se necessário o estudo do potencial de melhoramento das populações amostradas.

Com base no exposto, o presente trabalho tem como objetivos a estimativa (através da metodologia de SHRIKHANDE, 1957) dos coeficientes de herdabilidade e de correlação genética, bem como a estimativa de ganhos genéticos decorrentes da seleção pela altura, diâmetro e volume da copa, em um povoamento comercial de erva-mate.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas 210 árvores de uma população plantada no município de Bocaiúva do Sul-PR, no espaçamento de 1,80m x 3,60m, com mudas obtidas de sementes comerciais. Foram avaliadas a altura, o diâmetro e o volume da copa, aos cinco anos de idade. Todas as plantas avaliadas eram equidistantes, com a mesma idade e submetidas às mesmas condições ambientais, constituindo uma amostra aleatória de genótipos (não agrupados por família), conforme exigências do método de estimativa de SHRIKHANDE (1957) e SAKAI & HATAKEYAMA (1963).

O delineamento experimental deste método de estimativa consiste na

subdivisão de uma amostra (número total de plantas avaliadas) de plantas em várias parcelas contíguas, constituídas por número (**n**) crescente de planta, a partir de **n=1**. As mesmas plantas são utilizadas na demarcação imaginária das parcelas de diferentes tamanhos. No presente trabalho, foram avaliadas 15 linhas de 14 plantas (colunas), demarcadas no interior do talhão, gerando as 210 plantas mencionadas.

Para a geração dos diferentes tamanhos de parcela, foram considerados os gradientes ambientais, no sentido das linhas e das colunas, gerando dois grupos de dados para cada tamanho (**n**) de parcela maior que 1, conforme Tabela 1.

**TABELA 1. Parcelas no sentido das linhas e colunas, para cada tamanho (n) de parcela maior que 1.**

n	Linhas	Colunas
1	210	-
2	105	98
3	60	70
4	45	42
5	30	42
6	30	28
7	30	28
8	15	14
9	15	14
10	15	14

Para um mesmo tamanho de parcela, plantas diferentes devem ser usadas para gerar várias parcelas (parcelas de um mesmo tamanho devem ser independentes). Assim, para **n>1**, os cálculos foram efetuados, separadamente, para cada um dos grupos (sentido das linhas ou das colunas referentes ao gradiente ambiental) e, posteriormente, os dois resultados foram combinados.

O procedimento estatístico para a estimativa de parâmetros genéticos, baseou-se na mudança das variâncias das médias de parcelas como função da mudança dos tamanhos de parcelas. Assim, o mesmo conjunto total de plantas deve ser utilizado para o estabelecimento das parcelas de diferentes tamanhos. O modelo genético-estatístico associado à avaliação de uma planta **i** na parcela **j** equivale a:

$Y_{ij} = g_i + e_{ij}$ , onde:  $g_i$  é o efeito genético e  $e_{ij}$  é o efeito ambiental

(  $i = 1, \dots, n$ ;  $j = 1, \dots, p$ ).

Tem-se que:

$\text{Var} ( Y_{ij} ) = \sigma_g^2 + \sigma_e^2$ , onde:  $\sigma_g^2$  é a variância genética total (aditiva + não aditiva)  $\sigma_e^2$  e é a variância ambiental.

Trabalhando-se ao nível de médias de parcelas de diferentes tamanhos, tem-se:

$\text{Var} ( \bar{Y}_{.j} ) = \bar{\sigma}_{y(n)}^2 = \bar{\sigma}_g^2 + \bar{\sigma}_e^2 =$  variância entre médias de parcelas de tamanho  $n$ .

$$\bar{\sigma}_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{n}$$

$\bar{\sigma}_e^2 = \frac{\sigma_e^2}{n^b}$ , conforme demonstrado por SMITH (1938), onde  $b$  é o coeficiente de heterogeneidade ambiental, variando de 0 a 1 à medida que o solo torna-se mais heterogêneo.

Assim, a mudança em  $\bar{\sigma}_y^2$  devida à variabilidade ambiental ( $\bar{\sigma}_e^2$ ) é função logarítmica do tamanho de parcela. Por outro lado, a mudança devida à variabilidade genética é função inversa do tamanho de parcela, pois assume-se que não existe correlação entre o valor genético e a localização das árvores no povoamento.

Assim:

$$\overline{\sigma}_{y(n)}^2 = \frac{\sigma_g^2}{n} + \frac{\sigma_e^2}{n^b}$$

ou, equivalentemente,

$$n \overline{\sigma}_{y(n)}^2 = \sigma_g^2 + n^{(1-b)} \sigma_e^2$$

onde:

$n \overline{\sigma}_{y(n)}^2$  = quadrado médio entre médias de parcela de tamanho  $n$ , podendo ser estimado a partir dos dados experimentais.

$\sigma_g^2 + n^{(1-b)} \sigma_e^2$  = esperança matemática do quadrado médio entre médias de parcela de tamanho  $n$ .

O estimador de  $\overline{\sigma}_{y(n)}^2$  é dado por:

$\overline{\sigma}_{y(n)}^2 = \frac{\sum_{j=1}^p (\overline{Y}_j - \overline{Y}_{..})^2}{p-1}$ , onde  $p$  é o número de parcelas associado a cada tamanho  $n$ .

No presente estudo, os graus de liberdade ( $p-1$ ) variaram de 209 a 13, para  $n$  variando de 1 a 10. A partir da estimativa dos valores para  $\overline{\sigma}_{y(n)}^2$ , o seguinte sistema de equação foi obtido:

$$\left[ \begin{array}{l} 1 \overline{\sigma}_{y(1)}^2 = \sigma_g^2 + 1(1-b)\sigma_e^2 \\ 2 \overline{\sigma}_{y(2)}^2 = \sigma_g^2 + 2(1-b)\sigma_e^2 \\ 3 \overline{\sigma}_{y(3)}^2 = \sigma_g^2 + 3(1-b)\sigma_e^2 \\ 4 \overline{\sigma}_{y(4)}^2 = \sigma_g^2 + 4(1-b)\sigma_e^2 \\ 5 \overline{\sigma}_{y(5)}^2 = \sigma_g^2 + 5(1-b)\sigma_e^2 \\ 6 \overline{\sigma}_{y(6)}^2 = \sigma_g^2 + 6(1-b)\sigma_e^2 \\ 7 \overline{\sigma}_{y(7)}^2 = \sigma_g^2 + 7(1-b)\sigma_e^2 \\ 8 \overline{\sigma}_{y(8)}^2 = \sigma_g^2 + 8(1-b)\sigma_e^2 \\ 9 \overline{\sigma}_{y(9)}^2 = \sigma_g^2 + 9(1-b)\sigma_e^2 \\ 10 \overline{\sigma}_{y(10)}^2 = \sigma_g^2 + 10(1-b)\sigma_e^2 \end{array} \right]$$

Este sistema pode ser linearizado, atribuindo-se valores a  $b$ , de forma que  $n^{(1-b)} = n'$ . Portanto, soluções pelo método de quadrados mínimos podem ser obtidas através do sistema  $X\hat{\beta} = Y$  (solução:  $X'X\hat{\beta} = X'Y \Rightarrow \hat{\beta} = (X'X)^{-1}X'Y$ ), especificado a seguir:

$$\begin{array}{c}
 \mathbf{X} \\
 \left[ \begin{array}{c}
 1 \quad 1^{(1-b)} \\
 1 \quad 2^{(1-b)} \\
 1 \quad 3^{(1-b)} \\
 1 \quad 4^{(1-b)} \\
 1 \quad 5^{(1-b)} \\
 1 \quad 6^{(1-b)} \\
 1 \quad 7^{(1-b)} \\
 1 \quad 8^{(1-b)} \\
 1 \quad 9^{(1-b)} \\
 1 \quad 10^{(1-b)}
 \end{array} \right]
 \end{array}
 \hat{\beta}
 =
 \begin{array}{c}
 \mathbf{Y} \\
 \left[ \begin{array}{c}
 1 \bar{\sigma}_{y(1)}^2 \\
 2 \bar{\sigma}_{y(2)}^2 \\
 3 \bar{\sigma}_{y(3)}^2 \\
 4 \bar{\sigma}_{y(4)}^2 \\
 5 \bar{\sigma}_{y(5)}^2 \\
 6 \bar{\sigma}_{y(6)}^2 \\
 7 \bar{\sigma}_{y(7)}^2 \\
 8 \bar{\sigma}_{y(8)}^2 \\
 9 \bar{\sigma}_{y(9)}^2 \\
 10 \bar{\sigma}_{y(10)}^2
 \end{array} \right]
 \end{array}
 \begin{array}{c}
 \left[ \begin{array}{c}
 \sigma_g^2 \\
 \sigma_e^2
 \end{array} \right]
 \end{array}$$

NAMKOONG & SQUILLACE (1970) sugerem a solução do sistema, via procedimento iterativo de Gauss-Newton descrito por STEVENS (1951), no

qual estimativas iniciais são atribuídas a  $\sigma_g^2$ ,  $\sigma_e^2$  e  $(1-b)$  e, são utilizadas para gerar novos conjuntos de parâmetros, até a convergência para valores ideais destes parâmetros. No presente estudo, atribuíram-se valores de zero a um para  $b$  e escolheu-se o valor que proporcionou o maior coeficiente de determinação,

associando os valores observados ( $n\bar{\sigma}_{y(n)}^2$ ) e esperados ( $\sigma_g^2 + n^{(1-b)}\sigma_e^2$ ), com base no modelo.

De posse das estimativas de  $\sigma_g^2$  e  $\sigma_e^2$ , foram estimados os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo, ao nível de indivíduos, pela expressão:

$$h^2 = \sigma_g^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_e^2)$$

Para a estimação das correlações genéticas entre os caracteres X e Y usou-se processo análogo ao anterior, substituindo-se os valores de  $\sigma^2$  por **COV** e aplicando a equação:

$$n \overline{\text{cov}}_{(xy)} = \text{cov}_{gxy} + n^{(1-b)} \text{cov}_e$$

As correlações genéticas foram estimadas pela expressão:

$$r_g = \text{cov}_{gxy} / (\sigma_{gx}^2 \cdot \sigma_{gy}^2)^{1/2}$$

Foram estimados os valores genotípicos dos indivíduos selecionados através da expressão:  $VG = \bar{Y}_{..} + h^2(Y_{ij} - \bar{Y}_{..})$  = média esperada do indivíduo após ser propagado vegetativamente.

O ganho genético esperado com a seleção de determinado número de clones foi estimado por:

$$G_s = K \cdot r_{fg} \cdot \sigma_g, \text{ onde:}$$

$K$  = diferencial de seleção em unidades de desvio padrão;

$r_{fg} = h$  = acurácia seletiva.

A variância do ganho genético para a construção de intervalos de confiança do ganho, em função do número de indivíduos selecionados, foi calculada pela expressão:

$$\text{Var}(G_s) = [(1 - r_{fg}^2) \sigma_g^2] / N, \text{ conforme RESENDE et al. (1995b).}$$

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1. Variâncias associadas às parcelas de diferentes tamanhos

As variâncias associadas às médias de parcelas de diferentes tamanhos (Tabela 2) revelaram que o tamanho ideal de parcelas para avaliação de materiais genéticos, ao nível de médias (procedências, progênies), é de seis plantas por

parcela, concordando com os relatos de RESENDE et al. (1995a). Com o aumento do tamanho de parcela (**n**) de 1 pa 6 plantas, houve reduções na variância fenotípica das médias de parcela. Com **n** maior que 6, houve aumento na variância fenotípica das médias de parcela, para os três caracteres avaliados. Isto decorre do fato de que, com o aumento do tamanho de parcelas (para **n>6**), ocorre o aumento da variância ambiental ( $\sigma_c^2$ ) em maior magnitude do que a redução em  $\sigma_c^2/n$ , devida ao aumento de **n**.

**TABELA 2. Estimativas de variâncias associadas às médias de parcelas de diferentes tamanhos (n), em altura (AC), diâmetro (DC) e volume da copa (VC) de plantas de erva-mate, aos cinco anos de idade.**

n	AC (m)	DC (m)	VC (m3)
1	0,4404	0,2767	2,5404 x 10 <sup>-8</sup>
2	0,3169	0,1760	1,4537 x 10 <sup>-8</sup>
3	0,2502	0,1640	1,2802 x 10 <sup>-8</sup>
4	0,2254	0,1380	1,0651 x 10 <sup>-8</sup>
5	0,1855	0,1312	8,7626 x 10 <sup>-9</sup>
6	0,1504	0,1125	8,2927 x 10 <sup>-9</sup>
7	0,1611	0,1177	9,4479 x 10 <sup>-9</sup>
8	0,1572	0,1050	6,1834 x 10 <sup>-9</sup>
9	0,1569	0,1071	6,4364 x 10 <sup>-9</sup>
10	0,1713	0,1225	7,8194 x 10 <sup>-9</sup>

### 3.2. Ajustes dos modelos de estimativa dos componentes de variância-covariância em função dos diferentes valores do coeficiente de heterogeneidade ambiental.

Os coeficientes de determinação dos modelos de estimativa de componentes de variância-covariância (Tabelas 3 e 4) revelaram que o coeficiente de heterogeneidade ambiental da área experimental é muito pequeno, favorecendo a seleção massal de indivíduos superiores. Portanto, para a estimativa dos coeficientes de herdabilidade e de correlação genética mais realísticos, devem ser tomados os componentes de variância-covariância obtidos com a utilização de **b = 0**.

NAMKOONG & SQUILLACE (1970) concluíram que a metodologia proposta por SHRIKHANDE (1957) não é adequada para valores de **b** próximos a um. Neste caso,  $\sigma_g^2$  e  $\sigma_c^2$  seriam estatisticamente indistinguíveis e poderiam ser obtidas para caracteres sob efeito de competição. Assim, no presente estudo, o método foi

adequado e não houve a necessidade de incorporação da variância competitiva (SAKAI & MUKAIDE, 1967) no modelo.

**TABELA 3. Estimativas de herdabilidades no sentido amplo ( $h^2$ ) e coeficientes de determinação ( $r^2$ ) dos modelos de estimativa dos componentes de variância, em função de diferentes coeficientes de heterogeneidade ambiental (b), para altura, diâmetro e volume da copa de plantas de erva-mate, aos cinco anos de idade.**

b	Altura		Diâmetro		Volume	
	$h^2$	$r^2$	$h^2$	$r^2$	$h^2$	$r^2$
0,5	—	—	—	—	0,06	0,83
0,4	0,05	0,92	—	—	0,34	0,83
0,3	0,32	0,92	0,06	0,94	0,53	0,84
0,2	0,51	0,93	0,33	0,95	0,66	0,84
0,1	0,64	0,94	0,52	0,96	0,75	0,84
0,0	0,73	0,94	0,65	0,96	0,81	0,84

**TABELA 4. Estimativas de covariâncias genéticas ( $COV_g$ ) e coeficientes de determinação ( $r^2$ ) dos modelos de estimação dos componentes de covariância, em função de diferentes coeficientes de heterogeneidade ambiental (b), envolvendo altura (AC), diâmetro (DC) e volume da copa (VC) de plantas de erva-mate, aos cinco anos de idade.**

b	AC X DC		AC X VC		DC X VC	
	$COV_g$	$r^2$	$COV_g$	$r^2$	$COV_g$	$r^2$
0,3	—	—	$1,8 \cdot 10^{-5}$	0,93	$1,8 \cdot 10^{-5}$	0,92
0,2	—	—	$3,4 \cdot 10^{-5}$	0,94	$3,3 \cdot 10^{-5}$	0,93
0,1	0,04446	0,95	$4,6 \cdot 10^{-5}$	0,95	$4,5 \cdot 10^{-5}$	0,93
0,0	0,08679	0,96	$5,6 \cdot 10^{-5}$	0,95	$5,5 \cdot 10^{-5}$	0,93

### 3.3. Parâmetros genéticos da população experimental

Existe considerável variabilidade genética nos três caracteres nesta população de erva-mate, conforme corroborado pelo coeficiente de variação genética (Tabela

5). Dentre os caracteres, o volume da copa apresentou a maior variabilidade genética.

A presença de considerável variabilidade genética, associada ao baixo coeficiente de heterogeneidade ambiental conduziu a altas estimativas de herdabilidade no sentido amplo, ao nível de indivíduos (Tabela 5). Estas herdabilidades apresentaram-se na faixa de 0,7 para altura, 0,65 para diâmetro e 0,8 para volume da copa. Este último caráter, portanto, foi considerado o mais adequado como critério de seleção.

**TABELA 5. Estimativas da herdabilidade ( $h^2$ ) no sentido amplo, ao nível de indivíduos; variância genética ( $\sigma_g^2$ ); coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ); acurácia seletiva ( $r_{fg}$ ) e média geral ( $\bar{X}$ ) para os caracteres altura (AC), diâmetro (DC) e volume da copa (VC) de plantas de erva-mate, aos cinco anos de idade.**

Parâmetros	Caracteres		
	AC	DC	VC
$\sigma_g^2$	0,3370	0,1726	$2,1114 \times 10^{-8}$
$\bar{X}$	2,26	1,66	$1,97 \times 10^{-4}$
$CV_g$ (%)	25,69	25,03	73,76
$h^2$	73,45	64,91	0,81
$r_{fg}$	85,70	80,57	0,90

Os coeficientes de correlação genética, envolvendo os três caracteres (Tabela 6) revelaram uma baixa associação genética entre altura e diâmetro da copa. Assim, embora a correlação genética entre diâmetro da copa. Assim, embora a correlação genética entre diâmetro e volume da copa tenha sido alta, a seleção, visando aumentar o volume da copa não deve ser baseada apenas no diâmetro da copa. Nesse caso, deve-se utilizar o próprio volume da copa.

**Tabela 6. Estimativas da correlação genética ( $r_g$ ) e fenotípica ( $r_F$ ), envolvendo os caracteres altura (AC), diâmetro (DC) e volume da copa (VC) de plantas de erva-mate, aos cinco anos de idade.**

Caracteres Parâmetros	ACxDC	ACxVC	DCxVC
$r_F$	0,59	0,72	0,90
$r_g$	0,36	0,66	0,91

### 3.4. Ganhos genéticos, variâncias e intervalos de confiança dos ganhos genéticos

Os ganhos genéticos estimados (Tabela 7) com a seleção de clones, na população experimental, revelaram o grande potencial de melhoramento da população. Com herdabilidade na faixa de 0,8 e aplicando altas intensidades de seleção (5% ou menos), os ganhos genéticos estimados foram superiores a 100%, através de seleção de indivíduos para plantios clonais. Com base nos limites inferiores do intervalo de confiança dos ganhos genéticos, verificou-se que o número ideal de clones a serem selecionados, situa-se ao redor de 5 (Tabela 7). Este número maximiza o ganho genético, ao tempo em que mantém maior variabilidade genética nos plantios comerciais. Isto é desejável como forma de reduzir a vulnerabilidade dos povoamentos à ocorrência de pragas e doenças.

**TABELA 7. Estimativa de ganhos genéticos ( $G_s$ ), desvios padrões (S) e intervalos de confiança (I.C.) dos ganhos genéticos associados à seleção de variados números (N) de clones, em população de erva-mate, aos cinco anos de idade.**

N	Porcentagem de seleção	$G_s$ (%)	S( $G_s$ ) (%)	I.C. ( $G_s$ )	$G_s^*$ (%)	Ganho Adicional (%)
10	5,0	137,1	10,20	117,11 - 157,09	-	-
5	2,5	155,8	14,18	128,01 - 183,59	-	-
1	0,5	192,2	32,01	129,46 - 254,94	213,3	21,1

\* Ganho genético após teste clonal, com acurácia seletiva de 100%.

Comparando a seleção individual de clones com a seleção de clones após a realização de um teste clonal (seleção baseada em médias), verifica-se que a seleção do melhor clone da população, a partir de teste clonal com acurácia seletiva

de 100%, conduziria a um aumento adicional de 21% em relação à seleção individual do melhor clone (Tabela 7). Entretanto, para atingir acurácia de 100%, com herdabilidade no sentido amplo ao nível de indivíduo, na faixa de 0,8, seria necessário instalar um teste clonal com 100 repetições, perdone (RESENDE et al., 1995a). Isto, provavelmente, não seria compensador.

#### 4. CONCLUSÕES

- Para a avaliação de procedências e progênies de erva-mate, ao nível de médias de acesso, o tamanho ideal de parcela situa-se ao redor de 6 plantas;
- O método empregado para estimar parâmetros genéticos é adequado, revelando uma heterogeneidade ambiental muito pequena na área experimental;
- As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo, ao nível de indivíduos, equivalem a 0,73, 0,65 e 0,81 para os caracteres altura, diâmetro e volume da copa, respectivamente, indicando excelentes possibilidades para a seleção de clones;
- Ganhos genéticos da ordem de 100% podem ser obtidos com alta intensidade de seleção de clones na população experimental.

#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- HUHN, M. Estimation of broad sense heritability in plant population: an improved method. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.46, n.1, p.87-99, 1975.
- KEDHARNATH, S.; CHETTY, C.K.R.; RAWAR, M.S. Estimation of genetic parameters in teak (*Tectona grandis*) without raising progeny. **Indian Forester**, Dehra Dun, v.95, n.4, p.208-245, 1969.
- NAMKOONG, G; SQUILLACE, A.E. Problems in estimating genetic variance by Shrikhande's method. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v.19, n.2/3, p.74-77, 1970.
- RESENDE, M.D.V. de.; STURION, J.A.; MENDES, S. **Genética e melhoramento da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.)**. Colombo: EMBRAPA-CNPQ, 1995. 60p. (EMBRAPA-CNPQ. DOCUMENTOS, 25).
- RESENDE, M.D.V. de; ARAÚJO, A.J. de; SAMPAIO, P.T.; WIECHETECK, M.S.S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Floresta**, 1995b (no prelo).
- SAKAI, K.I.; HATAKEYAMA, S. Estimation of genetic parameters in forest trees without raising progenies. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v.12, p.1952-1957, 1963.
- SAKAI, K.I.; MUKAIDE, H. Estimation of genetic, environmental and competition variances in standing forests. **Silvae Genetica**, Frankfurt v.16, n.5/6, p.149-152, 1967.

- SHRIKHANDE, V.J. Some considerations in designing experiments on coconut trees. **Journal of The Indian Society of Agricultural Statistics**, New Delhi, v.1, p.82-98, 1957.
- SMITH, H.F. An empirical law describing heterogeneity in the yield of agricultural crops. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v.28, p.1-23, 1938.
- STEVENS, W.L. Asymptotic regression. **Biometrics**, Washington, v.7 p.247-267, 1951.
- VASCONCELLOS, M.E.C.; VALOIS, A.C.C. Estimação de parâmetros genéticos em seringueira sem o emprego de testes de progênies. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.21, n.7, p.731-738, 1986.
- VALOIS, A.C.C.; NASCIMENTO, J.C. Estimativa de parâmetros genéticos em cacaueiros sem utilização de testes de progênies. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.21, n.9, p.965-970, 1986.