

Acurácia seletiva, intervalos de confiança  
e variâncias de ganhos genéticos associados  
a 22 métodos de seleção em  
*Pinus caribaea* var. *hondurensis*

MARCOS DEON VILELA DE RESENDE\*  
ANTONIO JOSÉ DE ARAÚJO\*\*  
PAULO DE TARSO BARBOSA SAMPAIO\*\*\*  
MARCELO SÉRGIO SOUZA WIECHETECK\*\*\*\*

RESUMO

No presente trabalho foram derivados estimadores para a acurácia, variância do ganho genético e intervalos de confiança do ganho genético associados a 22 métodos de seleção univariada e multivariada. Estes métodos de seleção foram aplicados a dados de um teste de progênes de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. Os resultados permitiram as seguintes conclusões: o parâmetro acurácia permite inferir sobre o melhor método de seleção apenas em situações de iguais intensidades de seleção; a escolha do melhor método de seleção deve basear-se na utilização do intervalo de confiança do ganho genético; o número adequado de indivíduos a serem selecionados é função do ganho genético corrigido para a endogamia e de sua variância; a seleção de um pequeno número de indivíduos conduz a um maior ganho genético mas também a maior variância do ganho.

**Palavras-chave:** acurácia, métodos de seleção, intervalo de confiança, variância do ganho genético

ABSTRACT

**Accuracy, confidence ranges and variance of response associated to 22 selection methods in *Pinus caribaea* var. *hondurensis*.** In this paper, estimators for accuracy, variance of response and confidence ranges of the genetic gain associated to 22 univariate and multivariate selection methods, were derived. These methods were applied to a progeny test of *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. The conclusions were: in situations of equal selection intensities, accuracy is adequate to inform about the best selection method; the choice of the best selection method must be based on confidence range of the genetic gain; the adequate number of individuals to be selected is a function of the corrected genetic gain and variance of gain; the selection of a small number of individuals provides higher genetic gain, but higher variance of response.

**Key words:** accuracy, selection methods, confidence range, variance of response

\*Eng. agrônomo, M.Sc., Pesquisador da EMBRAPA/CNPFFlorestas

\*\*Eng. florestal, M.Sc., Ph.D., Professor Adjunto do Departamento de Silvicultura e Manejo, UFPR

\*\*\*Eng. florestal, M.Sc., Pesquisador do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia

\*\*\*\*Eng. florestal, M.Sc., Pesquisador da Papel de Imprensa S.A.

## INTRODUÇÃO

A adoção de eficientes estratégias de melhoramento genético de espécies florestais depende, sobretudo, da utilização de acurados métodos de seleção. Por outro lado, o método ideal de seleção, depende dos seguintes fatores: herdabilidade do caráter objetivo da seleção, número de famílias e indivíduos avaliados por experimento, heterogeneidade ambiental na área do experimento, dentre outros.

Dessa forma, vários métodos de seleção devem ser comparados visando determinar o mais adequado à cada específica situação experimental. Neste contexto torna-se imprescindível a disponibilidade de um software que compare todos os métodos possíveis, em termos de acurácia e ganhos genéticos com seleção. O termo acurácia refere-se à correlação entre o valor genético verdadeiro do indivíduo e o índice fenotípico utilizado para estimá-lo (VAN VLECK *et al*, 1987; NICHOLAS, 1987; FALCONER, 1989; RESENDE, 1994). Dessa forma, cada método de seleção apresenta um estimador específico para a acurácia.

Outro parâmetro importante em melhoramento florestal refere-se à variância do ganho genético, o qual é função da acurácia. A variância do ganho permite a construção de intervalos de confiança associados aos ganhos genéticos estimados, fornecendo assim, mais um critério para comparação de métodos de seleção.

No melhoramento florestal, vários métodos de seleção têm sido propostos (RESENDE & HIGA, 1994; RESENDE *et al*, 1994), porém sem a apresentação de estimadores para as acurácias. O presente trabalho tem como objetivos apresentar estimadores para acurácias e intervalos de confiança e comparar 22 métodos de seleção aplicados ao melhoramento de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados os caracteres altura, diâmetro e volume em um teste de 22 progênies de meio-irmãos de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* instalado no município de Tibagi-PR, em propriedade da PISA Florestal. O delineamento empregado foi o de blocos casualizados com 9 repetições e 6 plantas por parcela.

Considerou-se como objetivo da seleção o caráter volume e os seguintes critérios de seleção: volume, para os 11 métodos univariados; altura, diâmetro e volume, simultaneamente, para os 11 métodos multivariados.

Os métodos de seleção empregados envolveram: seleção individual e entre e dentro de famílias (KAGEYAMA & VENCOVSKY, 1983); de famílias, de irmãos e de parentais (FALCONER, 1989; RESENDE, 1991); dentro de progênies (RESENDE & HIGA, 1994); combinada (BUENO FILHO, 1992; RESENDE & HIGA, 1994); índice multi-efeitos (RESENDE & HIGA,

1994), para o caso univariado. Para o caso multivariado, estas mesmas unidades de seleção foram empregadas, porém empregando-se simultaneamente os caracteres altura, diâmetro e volume. Detalhes a respeito destes métodos são apresentados em RESENDE *et al* (1990) e RESENDE *et al* (1994).

No Quadro 1 são apresentados os estimadores para as acurácias derivadas para os diferentes métodos de seleção.

Definem-se os seguintes parâmetros e quantidades apresentadas no Quadro 1.

- $\sigma_A^2$  - variância genética aditiva/*additive genetic variance*
- $\sigma_F^2$  - variância fenotípica ao nível de média de família/*phenotypic variance at the level of family mean*
- $\sigma_d^2$  - variância entre plantas dentro de parcela/*within plot and between plants variance*
- $\sigma_{Fib}^2$  - variância fenotípica a nível de indivíduo no bloco/*phenotypic variance at the level of individuals in the block*
- $\sigma_{Fib}^2$  - variância fenotípica a nível de indivíduo no experimento/*phenotypic variance at the level of individuals in the experiment*
- $\sigma^2$  - variância residual a nível de médias de parcela/*residual variance at the level of plot means*
- $\sigma_B^2$  - variância fenotípica a nível de médias de bloco (RESENDE & HIGA, 1994)/*phenotypic variance at the level of block means*
- r - coeficiente de correlação genética entre indivíduos de uma mesma progênie (1/4 para meio-irmãos)/*genetic correlation coefficient between individuals of the same progeny (1/4 for half-sibs)*
- n, b e p - números de plantas por parcela, de blocos e de progênies, respectivamente/*number of plants por plot, of blocks and progenies, respectively*
- b - vetores dos coeficientes de ponderação dos caracteres, associados aos métodos e efeitos em consideração/*vectors of weighing coefficients of characters, associated to the methods and effects under consideration*
- P - matrizes de covariâncias fenotípicas associadas aos métodos e efeitos em consideração (RESENDE *et al*, 1994)/*matrices of phenotypic covariance associated to the methods and effects under consideration*

Quadro 1 - Estimadores para acurácias associadas a diferentes métodos de seleção  
 Table 1 - Accuracy estimators for different selection methods

métodos univariados univariate methods	estimadores da acurácia accuracy estimators
No bloco/In the blocks	
• individual/individual	$\sigma_A / \sigma_{\text{Fib}}$
• combinada/combined	$\left[ \frac{(n-1)(1-r)^2 \sigma_A^2 / \sigma_d^2 + \frac{(p-1)}{p} \left[ \frac{1+(nb-1)r}{nb} \right]^2 \sigma_A^2 / \sigma_F^2} \right]^{1/2}$
• índice multi-efeitos multi-effects index	$\left[ \frac{n-1}{n} (1-r)^2 \sigma_A^2 / \sigma_d^2 + \frac{p-1}{p} \left[ \frac{1+(nb-1)r}{nb} \right]^2 \sigma_A^2 / \sigma_F^2 + \frac{b-1}{b} \frac{p-1}{p} \left[ \frac{1-r}{n} \right]^2 \sigma_A^2 / \sigma^2} \right]^{1/2}$
No experimento/In the experiment	
• individual/individual	$\sigma_A / \sigma_{\text{Fie}}$
• combinada/combined	idem combinada no bloco/same as combined in the block
• índice multi-efeitos multi-effects index	$\left[ \frac{n-1}{n} (1-r)^2 \sigma_A^2 / \sigma_d^2 + \frac{p-1}{p} \left[ \frac{1+(nb-1)r}{nb} \right]^2 \sigma_A^2 / \sigma_F^2 + \frac{b-1}{b} \frac{p-1}{p} \left[ \frac{1-r}{n} \right]^2 \sigma_A^2 / \sigma^2 + \frac{b-1}{b} \left[ \frac{1-r}{np} \right]^2 \sigma_A^2 / \sigma_B^2} \right]^{1/2}$
• seleção de família family selection	$\left( \frac{p-1}{p} \right)^{1/2} \frac{1+(nb-1)r}{nb} \sigma_A / \sigma_F$

<ul style="list-style-type: none"> <li>• seleção dentro de família <i>within family selection</i></li> </ul>	$\left(\frac{n-1}{n}\right)^{1/2} (1-r) \sigma_A / \sigma_d$	seleção em dois estágios: acurácias em cada estágio conforme especificado para a seleção de família e dentro de família/ <i>selection at two stages: accuracy at each stage according to specific family</i>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• seleção entre e dentro de família/<i>between and within family selection</i></li> </ul>	$\left(\frac{p-1}{p}\right)^{1/2} r \sigma_A / \sigma_{\bar{F}}$	
<ul style="list-style-type: none"> <li>• seleção de irmãos <i>sib selection</i></li> </ul>		
<ul style="list-style-type: none"> <li>• seleção de parentais <i>parental selection</i></li> </ul>	$\left(\frac{p-1}{p}\right)^{1/2} 1/2 \sigma_A / \sigma_{\bar{F}}$	
métodos multivariados <i>multivariate methods</i>		estimadores da acurácia <i>accuracy estimators</i>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• vários métodos <i>several methods</i></li> </ul>	$\left(\frac{b'Pb}{\sigma_A^2}\right)^{1/2}$	

O parâmetro “coeficiente de predição genética” (BARADAT, 1976; GALLAIS, 1989; VAN BUIJTENEN, 1992) foi estimado por  $\sigma_1/\sigma_0$  para todos os métodos multivariados empregados, onde  $\sigma_1$  é o desvio padrão fenotípico do índice de seleção e  $\sigma_0$  é o desvio padrão fenotípico do caráter objetivo da seleção referente ao efeito ou método considerado.

Os intervalos de confiança de ganhos genéticos foram construídos considerando o estimador da variância do erro associado aos valores genéticos aditivos preditos, apresentado por VAN VLECK *et al* (1987) e KINGHORN (1992):  $(1-r_{I,A}^2)\sigma_A^2$ , onde  $r_{I,A}$  é a acurácia.

Demonstrou-se neste trabalho, que a variância do erro associada ao valor genético médio dos indivíduos selecionados (ganho genético) equivale a:

$$\text{Var}(G_s) = V \left[ \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N A_i - \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \hat{A}_i \right] = \frac{1}{N} \left[ \sigma_A^2 (1-r_{I,A}^2) \right],$$

onde  $N$  é o número de indivíduos selecionados,  $A_i$  é o valor genético verdadeiro do indivíduo  $i$ , e  $\hat{A}_i$  é a estimativa de seu valor genético. Assim, o intervalo de confiança do ganho genético foi construído através da expressão:

$$G_s \pm t \left[ \frac{1}{N} \left[ \sigma_A^2 (1-r_{I,A}^2) \right] \right]^{1/2}$$

onde  $t$  é o valor tabelado associado à distribuição  $t$  de Student. Este método é válido quando todos os valores genéticos considerados apresentam a mesma acurácia de predição.

Um outro parâmetro considerado neste trabalho foi a variância  $(\sigma_R^2)$  da resposta à seleção após várias gerações de melhoramento. NICHOLAS (1980) considerou o seguinte modelo para a resposta ( $R$ ) à seleção após  $g$  gerações de melhoramento:

$\bar{R} = \bar{X}_g - \bar{X}_0$ , onde  $\bar{X}_g$  é a média da população após  $g$  gerações de melhoramento e  $\bar{X}_0$  é a média da população original não melhorada.

$\sigma_R^2 = \sigma_d^2 + \frac{1}{M} \sigma_F^2$ , onde  $\sigma_d^2$  é a variância devido à deriva genética (HILL, 1971; 1972a; 1972b),  $M$  é o número total de indivíduos avaliados em cada geração e  $\sigma_F^2$  é a variância fenotípica.

Conforme HILL (1977),  $\sigma_d^2 = g\sigma_A^2/N_e$ , onde  $N_e$  é o tamanho efetivo populacional. Assim, ignorando-se o termo  $\sigma_F^2/M$ ; para  $M$  suficientemente grande tem-se:  $\sigma_R^2 = g\sigma_A^2/N_e$  para  $g$  gerações de seleção e  $\sigma_R^2 = \sigma_A^2/N_e$  para uma geração de seleção.

Todas as análises univariadas e multivariadas, a predição de valores genéticos, a estimação de ganhos genéticos e suas variâncias bem como a construção de intervalos de confiança foram realizados através do software SELEGEN (RESENDE *et al*, 1994).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

## COMPARAÇÃO ENTRE OS MÉTODOS MULTIVARIADOS E UNIVARIADOS

No Quadro 2 são apresentados os parâmetros herdabilidade (métodos univariados) e coeficientes de predição genética (métodos multivariados) associados à diferentes efeitos empregados na composição dos métodos de seleção.

O termo coeficiente de predição genética (c.p.g.) equivale a uma herdabilidade indireta para o diferencial de seleção do caráter objetivo da seleção, via seleção através de outro(s) caracter(es). O estimador do c.p.g. pode ser expresso por:

$$\text{c.p.g.} = \sigma_I / \sigma_O = r_{I,A}^2 h_O / r_{I,A} = r_{I,A} h_O,$$

onde  $h_O$  é a raiz quadrada da herdabilidade associada ao caráter objetivo da seleção.

O termo  $r_{I,A}^2$  é um coeficiente de determinação, o qual é denominado coeficiente de "confiabilidade" (GODDARD, 1992) da seleção. No caso da seleção indireta multivariada, este termo é denominado herdabilidade multivariada (GALLAIS, 1989).

Quadro 2 - Coeficientes de herdabilidade (métodos univariados) e de predição genética (métodos multivariados) associados a diferentes efeitos empregados nos métodos de seleção

Table 2 - Heritability (univariate methods) and coefficients of genetic prediction (multivariate methods) for different effects applied in the selection methods

efeitos effects	herdabilidade heritability	coeficientes de predição genética coefficients of genetic prediction
indivíduo na parcela <i>individual in the plot</i>	0,15	0,16
família/family	0,69	0,72
parcela/plot	0,12	0,13
blocos/blocks	0,04	0,05
indivíduo no bloco <i>individual in the block</i>	0,18	0,19
indiv. no experimento <i>indiv. in the experiment</i>	0,17	0,19

Dessa forma o ganho genético no caráter objetivo da seleção pode ser determinado por  $G_S = K\sigma_O(\text{c.p.g.}) = K\sigma_O r_{I,A} h_O$ , onde K refere-se ao diferencial de seleção padronizado e  $\sigma_O$ , refere-se ao desvio padrão fenotípico do caráter objetivo. Destas expressões torna-se claro que a comparação entre os

métodos multivariados e univariados pode ser realizada diretamente através de herdabilidade do caráter objetivo vs coeficiente de predição genética ou herdabilidade do caráter objetivo vs herdabilidade multivariada.

Contrastando-se os valores de herdabilidade e coeficientes de predição genética (Quadro 2), verifica-se que os métodos multivariados de seleção são todos superiores aos univariados, no presente caso.

### ACURÁCIA SELETIVA E GANHOS GENÉTICOS PARA DIFERENTES MÉTODOS DE SELEÇÃO

Nos Quadros 3 e 4, são apresentados os ganhos genéticos e intervalos de confiança de ganhos para os métodos univariados e multivariados, respectivamente.

Quadro 3 - Ganhos genéticos para volume, intervalos de confiança do ganho e acurácia para diferentes métodos de seleção univariada

Table 3 - Genetic gains for volume, confidence ranges of the genetic gain and accuracy for different univariate selection methods

método	acurácia	ganho genético*(%)	intervalos confiança**(%)
method	accuracy	genetic gain*(%)	confidence ranges**(%)
no bloco/ <i>in the block</i>			
• individual/ <i>individual</i>	0,42	31,47	26,26 - 36,69
• combinada/ <i>combined</i>	0,51	31,87	26,96 - 36,78
• multi-efeitos/ <i>multi-effects</i>	0,53	33,68	28,81 - 38,55
no experimento/ <i>in the experiment</i>			
• individual/ <i>individual</i>	0,42	32,10	26,88 - 37,32
• combinada/ <i>combined</i>	0,51	32,34	27,43 - 37,25
• multi-efeitos/ <i>multi-effects</i>	0,53	34,47	29,60 - 39,34
• seleção entre e dentro <i>between and within family selection</i>	(0,42; 0,30)	(9,62+17,48)=27,1	14,24 - 39,96
• seleção dentro de famílias <i>within family selection</i>	0,30	18,95	13,99 - 23,91
• seleção de famílias <i>family selection</i>	0,42	9,00	2,00 - 16,00
• seleção de irmãos/ <i>sib selection</i>	0,39	8,48	1,38 - 15,58
• seleção de parentais <i>parental selection</i>	0,79	16,95	12,22 - 21,68

\*número de indivíduos selecionados: 10 famílias, grupos de irmãos ou parentais; 22 indivíduos pela seleção dentro de famílias; 18 indivíduos para os demais métodos, sendo 2 indivíduos em 9 famílias para a seleção entre e dentro/*number of individual selected: 10 families, groups of sibs or parents; 22 individuals for within family selection; 18 individuals for the other methods, considering 2 individuals in 9 families for the between and within family selection*

\*\*a 68 % de confiança/at 68 % of confidence level



Verifica-se que, dentre os métodos univariados (Quadro 3), o maior ganho foi proporcionado pelo método índice multi-efeitos no experimento. As maiores acurácias foram proporcionadas pelos métodos seleção de parentais e índice multi-efeitos. Entretanto, o método seleção de parentais permitiu uma baixa intensidade de seleção e, portanto, baixo ganho genético.

Verifica-se que dentre todos os métodos avaliados, univariados e multivariados, o melhor foi o método índice-multi-efeitos multivariado, apresentando um ganho de 38,82 % e acurácia de 0,56. O método seleção de parentais apresentou acurácia de 0,83 mas propiciou baixa intensidade de seleção.

O parâmetro ideal para a escolha do melhor método de seleção seria a acurácia, se todos os métodos permitissem a mesma intensidade de seleção. As

Quadro 4 - Ganhos genéticos para volume, intervalos de confiança do ganho e acurácia para diferentes métodos de seleção multivariada

Table 4 - Genetic gains for volume, confidence ranges of the genetic gain and accuracy for different multivariate selection methods

método	acurácia	ganho genético*(%)	intervalos confiança**(%)
method	accuracy	genetic gain*(%)	confidence ranges**(%)
<i>no bloco/in the block</i>			
• individual/individual	0,46	37,20	32,10 - 42,30
• combinada/combined	0,54	34,57	29,73 - 39,41
• multi-efeitos/multi-effects	0,56	37,54	32,78 - 42,30
<i>no experimento/in the experiment</i>			
• individual/individual	0,45	37,89	32,76 - 43,02
• combinada/combined	0,54	35,74	30,90 - 40,58
• multi-efeitos/multi-effects	0,56	38,82	34,06 - 43,58
• seleção entre e dentro <i>between and within family selection</i>	(0,44; 0,32)	(10,16+20,48)=30,64	17,89 - 43,39
• seleção dentro de famílias <i>within family selection</i>	0,32	21,79	16,86 - 26,72
• seleção de famílias <i>family selection</i>	0,44	9,55	2,62 - 16,48
• seleção de irmãos/sib <i>sib selection</i>	0,41	8,99	1,96 - 16,02
• seleção de parentais <i>parental selection</i>	0,83	17,99	13,69 - 22,29

\*número de indivíduos selecionados: 10 famílias, grupos de irmãos ou parentais; 22 indivíduos pela seleção dentro de famílias; 18 indivíduos para os demais métodos, sendo 2 indivíduos em 9 famílias para a seleção entre e dentro/number of individual selected: 10 families, groups of sibs or parents; 22 individuals for within family selection; 18 individuals for the other methods, considering 2 individuals in 9 families for the between and within family selection

\*\*a 68 % de confiança/at 68 % of confidence level

propriedades favoráveis da acurácia são: o ganho genético é diretamente proporcional à acurácia; maior acurácia indica maior precisão na seleção.

Em função do exposto torna-se necessário considerar simultaneamente o ganho genético e a acurácia. E isto pode ser feito eficientemente, construindo-se intervalos de confiança para os ganhos genéticos.

Na interpretação dos intervalos de confiança é interessante notar que métodos com maior acurácia apresentam intervalos menos amplos. Assim, não devem ser analisados os limites superiores dos intervalos, para a escolha do melhor método, mas sim os limites inferiores. Os métodos com os maiores limites inferiores dos intervalos de confiança podem ser julgados como melhores, pois, permitem maior segurança na seleção.

No presente caso, para o método índice multi-efeitos multivariado a probabilidade de que o ganho genético seja de fato maior ou igual a 34,06 % é de 84 %. Isto, considerando que o intervalo foi construído com 68 % ( $t = 1,00$ ) de confiança e que trabalhou-se com um teste bilateral. Assim, é melhor tomar como estimativa de ganho o valor 34,06 % e não 38,82 %.

#### NÚMERO ADEQUADO DE INDIVÍDUOS A SEREM SELECIONADOS

A determinação do número adequado de indivíduos a serem selecionados deve considerar: a endogamia na geração de plantio, para a composição da população de produção de sementes; a manutenção de um tamanho efetivo populacional compatível com a obtenção do limite seletivo, para a composição da população de melhoramento (RESENDE & BERTOLUCCI, 1995).

Um terceiro fator refere-se à variância do ganho genético, a qual indica a confiabilidade do ganho predito. Conforme expressão biométrica apresentada neste trabalho, a variância do ganho reduz-se à medida em que aumenta o número de indivíduos selecionados. Por outro lado, o próprio ganho genético estimado reduz-se à medida do aumento do número de indivíduos selecionados.

Assim, deve-se encontrar um número ótimo de indivíduos que maximize o limite inferior do intervalo de confiança do ganho genético. No estabelecimento das populações de melhoramento, a manutenção do  $N_e$  adequado (geralmente maior que 30) praticamente já garante a maximização do limite inferior do intervalo de confiança. Por outro lado, para estabelecimento das populações de produção de sementes, o ganho genético corrigido para a endogamia (RESENDE & BERTOLUCCI, 1995), deve ser utilizado para a construção de intervalos de confiança, visando determinar o número de indivíduos selecionados que maximize o limite inferior do intervalo de confiança.

Para construção do intervalo de confiança, duas expressões da variância do ganho podem ser utilizadas:

$$v(G_s) = \frac{1}{N} \left[ \sigma_A^2 (1 - r_{1,A}^2) \right] \text{ ou } v(\hat{G}_s) = \sigma_A^2 / N_e \text{ (HILL, 1977; NICHOLAS, 1980).}$$
 Estas expressões são similares, sendo a primeira função do número físico e a segunda do número efetivo de indivíduos selecionados. Adicionalmente, a primeira expressão é corrigida em função da confiabilidade ( $r_{1,A}^2$ ) da seleção, o que não é a segunda.

Dessa forma, a segunda expressão é conservadora em relação à primeira e poderá ser usada com mais segurança. Por outro lado, penaliza mais o limite inferior do ganho genético.

No Quadro 5, são apresentados parâmetros que refletem a flutuação do ganho genético real em torno do ganho genético estimado.

Analisando-se apenas o ganho genético corrigido, verifica-se que a maximização do ganho genético ocorre com o estabelecimento do pomar biclonal desbalanceado (RESENDE & BERTOLUCCI, 1995) ou com a seleção dos 6 melhores indivíduos, opções essas que conduzem a ganhos de 50,85 % e 41,77 %, respectivamente (Quadro 5).

Quadro 5 - Estimativas de ganhos genéticos (G), desvios padrões (S), intervalos de confiança (IC) e coeficientes de variação (CV) do ganho, para o método índice multi-efeitos multivariado

Table 5 - Estimates of genetic gain (G), standard deviations (S), confidence ranges (IC) and coefficients of variation (CV) of the gain, for the multivariate multi-effects index method

N	Ne	G(%)*	S(1)	S(2)	CV(1)	CV(2)	IC(1)	IC(2)
1	1	26,29	0,0063	0,0076	20,2	24,3	- 7,0 - 59,6	-13,8 - 66,4
2	2	50,85**	0,0045	0,0054	14,4	17,3	27,1 - 74,6	22,3 - 79,4
3	2,48	39,89	0,0036	0,0048	11,5	15,4	20,9 - 58,9	14,5 - 65,3
4	3,49	41,53	0,0032	0,0041	10,2	13,1	24,7 - 58,4	19,9 - 63,1
5	4,11	41,71	0,0028	0,0038	9,0	12,2	26,9 - 56,6	21,6 - 61,8
6	5,08	41,77	0,0026	0,0034	8,3	10,9	28,1 - 55,5	23,8 - 59,8
7	6,07	41,47	0,0024	0,0031	7,7	9,9	28,8 - 54,2	25,1 - 57,8
8	6,68	40,99	0,0022	0,0029	7,0	9,3	29,4 - 52,5	25,6 - 56,3
9	6,94	40,46	0,0021	0,0029	6,7	9,3	29,4 - 51,5	25,1 - 55,8
10	7,89	40,12	0,0020	0,0027	6,4	8,6	29,6 - 50,7	25,9 - 54,3
15	10,29	38,07	0,0016	0,0024	5,1	7,7	29,7 - 46,5	25,4 - 50,8
20	12,04	36,63	0,0014	0,0022	4,5	7,0	29,2 - 44,1	25,1 - 48,2
30	12,96	34,32	0,0012	0,0021	3,8	6,7	28,1 - 40,6	23,3 - 45,4

\*ganho corrigido para a endogamia;

S1 e S2: funções  $\text{Var}(1) = \left[ \sigma_A^2 (1 - r_{I,A}^2) \right] / N$  e  $\text{Var}(2) = \sigma_A^2 / N_e$ , respectivamente;

CV(1) e IC(1): funções de Var(1); CV(2) e IC(2): funções de Var(2); IC a 90 % de confiança ( $t=1,65$ )

\*corrected gain for inbreeding;

S1 e S2: functions of  $\text{Var}(1) = \left[ \sigma_A^2 (1 - r_{I,A}^2) \right] / N$  and  $\text{Var}(2) = \sigma_A^2 / N_e$ , respectively;

CV(1) and IC(1): functions of Var(1); CV(2) e IC(2): functions of Var(2); IC at 90 % of confidence level ( $t=1,65$ )

\*\*pomar biclonal/biclonal orchard

Por outro lado, considerando a variância e intervalo de confiança do ganho genético estimado mudam-se as conclusões. Os limites inferiores dos intervalos de confiança sugerem uma queda de praticamente 50 % do ganho genético estimado para o pomar biclonal, sendo que a maximização do limite inferior do intervalo de confiança ocorreu com a seleção de 15 e 10 indivíduos, considerando os dois métodos de estimação da variância do ganho (Quadro 5).

Entretanto, existe uma faixa em que as diferenças entre os limites inferiores dos intervalos de confiança são muito pequenas e as diferenças entre os limites superiores são maiores. Dessa forma, a decisão final deve considerar também o limite superior do intervalo de confiança. No presente caso parece coerente optar pela seleção dos 7 melhores indivíduos, pois neste ponto praticamente ocorre a maximização do limite inferior do intervalo, sem penalizar muito o limite superior. Nesta situação existe 95 % de probabilidade de que o ganho genético verdadeiro seja igual ou superior a 28,8 % e 25,1 %, considerando os dois métodos de estimação da variância do ganho. Também, os coeficientes de variação do ganho encontram-se abaixo de 10 % (Quadro 5).

É importante relatar que a decisão final é um compromisso entre a confiabilidade e o risco (GODDARD, 1992). A seleção de um pequeno número de indivíduos permite um maior limite superior do intervalo de confiança, mas deve-se considerar que existe 50 % (quando se trabalha com nível de confiança próximo a 100 %) de chances do verdadeiro ganho genético situar-se entre o limite inferior e o ganho genético estimado.

## CONCLUSÕES

O parâmetro acurácia permite inferir sobre o melhor método de seleção, apenas em casos de iguais intensidades de seleção para todos os métodos comparados.

Em geral, a escolha do melhor método de seleção deve basear-se na utilização simultânea da acurácia e ganho genético, através do intervalo de confiança do progresso genético.

O número adequado de indivíduos a serem selecionados é função do ganho genético corrigido para endogamia e de sua variância.

A seleção de um pequeno número de indivíduos propicia maior ganho genético corrigido, porém conduzindo também à uma maior variância do ganho.

## BIBLIOGRAFIA CITADA

- BARADAT, P. 1976. Juvenile-mature relationship in individual selection with information from relatives. In: *Advanced generation breeding*. Bordeaux. Proceedings. INRA. p. 121-138.

- BUENO FILHO, J. S. S. 1992. **Seleção combinada versus seleção sequencial no melhoramento de populações florestais**. Piracicaba: ESALQ/USP. 96 p. (Dissertação).
- FALCONER, D. S. 1989. **Introduction to quantitative genetics**. Harlow, Essex. Longman. 438 p.
- GALLAIS, A. 1989. **Theorie de la selection en amelioration des plantes**. Paris: Ed. Masson. 588 p.
- GODDARD, M. E. 1992. Genetic evaluation in the dairy industry. In: Hammond, K.; Graser, H-U.; Mc Donald, C.A. **Animal Breeding: The Modern Approach**. Post Graduate Foundation, Sydney. p. 95-101.
- HILL, W. G. 1971. Design and efficiency of selection experiments for estimating genetic parameters. **Biometrics**, 27:293-311.
- HILL, W. G. 1972. Estimation of realised heritabilities from selection experiments. I. Divergent selection. **Biometrics**, 28:747-765.
- HILL, W. G. 1972. Estimation of realised heritabilities from selection experiments. II. Selection in one direction. **Biometrics**, 28:767-780.
- HILL, W. G. 1977. Variation in response to selection. In: **International Conference on Quantitative Genetics**. Ames. Proceedings. Iowa State University Press. p. 343-365.
- KAGEYAMA, P. Y. & VENCOSKY, R. 1983. Variação genética em progênes de uma população de *Eucalyptus grandis* Hill Maiden. **IPEF**, 24:9-26.
- KINGHORN, B. 1992. Principles of estimated breeding values. In: Hammond, R.; Graser, H-U.; Mc Donald, C. A. **Animal Breeding: The Modern Approach**. Post Graduate Foundation, Sydney. p. 47-55.
- NICHOLAS, F. W. 1980. Size of population required for artificial selection. **Genetical Research**, 35:85-105.
- NICHOLAS, F. W. 1987. **Veterinary genetics**. Clarendon Press, Oxford. 580 p.
- RESENDE, M. D. V. de; OLIVEIRA, E. B. & HIGA, A. R. 1980. Utilização de índices de seleção no melhoramento de *Eucalyptus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, 21:1-13.
- RESENDE, M. D. V. de. 1991. 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**, 22/23:61-77.
- RESENDE, M. D. V. de & HIGA, A. R. 1994. Estimação de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus* - seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, 28/29:11-36.
- RESENDE, M. D. V. de & HIGA, A. R. 1994. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênes de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. **Boletim de Pesquisa Florestal**, 28/29:37-55.
- RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R. & LAVORANTI, O. J. 1994. Regressão genotípica multivariada e maximização do progresso genético em programas de melhoramento de *Eucalyptus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, 28/29:57-71.
- RESENDE, M. D. V. de & BERTOLUCCI, F. L. G. 1995. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE "Eucalypt Plantations: Improving Fibre Yield and Quality". Horbart - Austrália. p. 167-170.

- RESENDE, M. D. V. de. 1994. Seleção precoce no melhoramento florestal. In: WORKSHOP SIF/UFV: Métodos de Seleção. Belo Horizonte - MG p. 58-75.
- RESENDE, M. D. V. de; OLIVEIRA, E. B. de; MELINSKY, L. C.; GOULART, F. S. & OANDA, G. R. P. 1994. SELEGEN - Seleção Genética Computadorizada - Manual do Usuário. EMBRAPA/CNPFFlorestas, Curitiba - PR. 31 p.
- VAN BUIJTENEN, J. P. 1992. Fundamental genetic principles. In: Fins, L.; Friedman, S. T. & Brotschol, J. V. Handbook of Quantitative Forest Genetics. Kluwer, Dordrecht. p. 29-68.
- VAN VLECK, L. D.; POLLACK, E. J. & BRANDFORD, E. A. 1987. Genetics for the Animal Sciences. W. H. Freeman and Co., New York. 391 p.

---

Trabalho submetido em 04.95 e aceito em 04.96