

Comparação de métodos de avaliação genética  
e seleção no melhoramento da seringueira  
[*Hevea brasiliensis* (Willd. ex ADR. de Juss.)  
Muell. Arg.]

MARCOS DEON VILELA DE RESENDE\*  
MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES\*\*  
JOÃO RODRIGUES DE PAIVA\*\*\*

**RESUMO**

Foram comparados 18 métodos de seleção para o caráter produção de borracha em seringueira, através de simulação e parâmetros experimentais. A realização de duas medições (safras) por indivíduo só foi vantajosa para os métodos de seleção individual. Para os métodos que envolvem testes de progênies ou clonais apenas uma medição foi suficiente para maximizar a eficiência seletiva. Para a seleção em testes de progênies o melhor método foi o índice multi-efeitos. Em geral, os melhores métodos de seleção foram, pela ordem: seleção de indivíduos em testes de progênies de irmãos-germanos visando a propagação vegetativa; seleção de clones a partir de testes clonais; seleção de indivíduos em testes de progênies de meios-irmãos visando a propagação vegetativa. A avaliação de progênies de irmãos-germanos conduz a ganhos genéticos superiores à avaliação de progênies de meios-irmãos, na ordem de 7 % a 12 %.

**Palavras-chave:** métodos de seleção, repetibilidade, herdabilidade, acurácia

**ABSTRACT**

**Genetic evaluation and selection methods in genetic improvement of rubber tree [*Hevea brasiliensis* (Willd. ex ADR. de Juss.) Muell. Arg.].** Eighteen selection methods for the trait rubber production in rubber tree, were compared through simulation and experimental parameters. For individual selection methods, 2 measures were sufficient to attain the maximum gain. For selection methods involving progeny or clonal tests one measure was sufficient. For selection within progeny tests, the best method was the multi-effects index. Generally, the superior methods are (by the order): selection of individuals in full-sib progeny tests aiming vegetative propagation; clonal selection from clonal tests; selection of individuals in half-sib progeny tests aiming vegetative propagation. Selection with full-sib progenies are 7 % to 12 % superior to selection with half-sib progenies.

**Key words:** selection methods, repeatability, heritability, accuracy

\*Engenheiro agrônomo, M.Sc., Pesquisador da EMBRAPA/CNPFFloresta

\*\*Engenheiro agrônomo, D.Sc., Professor da UNESP/FEIS

\*\*\*Engenheiro agrônomo, D.Sc., Pesquisador da EMBRAPA/CNPAT

## INTRODUÇÃO

A seringueira [*Hevea brasiliensis* (Willd. ex ADR. de Juss.) Muell. Arg.] é uma das principais espécies florestais nativas do Brasil. Sua ocorrência natural está restrita à região Amazônica, nos países Brasil, Bolívia, Colômbia, Peru, Venezuela, Equador, Suriname e Guiana (PEREIRA, 1992).

No início do século o Brasil ocupava a 1ª posição mundial na produção (em seringueiras nativas) e exportação de borracha natural. Porém, com a introdução e o cultivo da seringueira em países do sudeste asiático, o Brasil perdeu a hegemonia no mercado mundial da borracha, a partir de 1913 (VIRGENS FILHO, 1990). No sudeste asiático, a heveicultura é fundamentada no uso de material genético com alto potencial de produção fato que, aliado à inexistência do patógeno *Microcyclus ulei* P. Henn, causador da doença mal-das-folhas, possibilita a obtenção de altas produtividades (VIRGENS FILHO, 1990).

Atualmente 90 % da produção mundial de borracha provém do sudeste asiático. A contribuição do Brasil está abaixo de 1 %. Os principais países produtores são, pela ordem: Tailândia, Indonésia, Malásia, Índia, China, Filipinas e Vietnã (IBAMA, 1995).

Segundo PAIVA & KALIL FILHO (1985), o principal entrave ao pleno desenvolvimento da heveicultura no Brasil foi a ocorrência da doença mal-das-folhas. As primeiras tentativas de cultivo da seringueira no Brasil foram realizadas na região norte e fracassaram em decorrência da referida doença. Atualmente as principais áreas de cultivo no país são denominadas áreas de escape ao mal-das-folhas e localizam-se nos estados de São Paulo, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, sul da Bahia e mais recentemente no noroeste do Paraná (PAIVA & KALIL FILHO, 1985; PEREIRA, 1992).

A partir de 1980, a cultura experimentou grande expansão e incentivo no estado de São Paulo, principalmente na região do Planalto, nos municípios de São José do Rio Preto, Barretos, Araçatuba, Bauru, Marília e Presidente Prudente (VIRGENS FILHO, 1990; SBS, 1995). A seringueira apresenta grande importância econômica para este Estado, que é, atualmente, o maior produtor de borracha seca do país (BOOCK *et al.*, 1995).

Os primeiros materiais genéticos utilizados para plantio no Brasil foram: material obtido de sementes da região do rio Tapajós, plantado em 1928 em Fordlândia-PA; melhores clones importados do sudeste asiático e plantados em Belterra-PA, a partir de 1934 (PAIVA & KALIL FILHO, 1985). Os primeiros clones brasileiros foram resultantes de trabalhos de cruzamento e seleção iniciados em Fordlândia e Belterra pela companhia FORD e concluídos pelo IAN (Instituto Agrônomo do Norte) a partir de 1942 (PAIVA & KALIL FILHO, 1985). Atualmente, os principais clones indicados para o cultivo nos estados de São Paulo e Paraná são: RRIM 600, GT1, PB 235 e IAN 873 (PEREIRA, 1992). Na atualidade, programas de melhoramento genético vem sendo conduzidos enfatizando principalmente a produtividade e estabilidade visando plantios no estado de São Paulo (GONÇALVES *et al.*, 1990a; CARDOSO *et al.*, 1991). O Instituto Agrônomo de Campinas (IAC)

tem conduzido programas de melhoramento genético da seringueira desde 1941, quando foram introduzidos do Oriente dezenas de clones de alta produção (BOOCK *et al.*, 1995). O programa de melhoramento genético do IAC envolve duas linhas específicas de trabalho visando atender às regiões do Planalto e do Litoral (CARDOSO *et al.*, 1991).

Uma contribuição adicional ao melhoramento genético da seringueira, no oeste de São Paulo e Mato Grosso do Sul, foi dada pela UNESP-Ilha Solteira que instalou, para avaliação no município de Selvíria-MS, progênies (material descrito por PAIVA *et al.*, 1993) de seringueira oriundos da região amazônica.

O objetivo do presente trabalho é estudar métodos de avaliação genética e seleção para dar subsídios a um programa de melhoramento genético de seringueira visando o aumento da produção de borracha.

## MATERIAL E MÉTODOS

### LEVANTAMENTO DE INFORMAÇÕES

O trabalho baseou-se em levantamento de literatura, envolvendo estimativas de parâmetros genéticos referentes ao caráter produção de borracha em seringueira. A partir destes parâmetros, uma série de métodos de avaliação genética e seleção foram comparados, visando o delineamento de estratégias de melhoramento genético para o referido caráter.

Foram analisados métodos de avaliação genética e seleção, envolvendo os seguintes aspectos do melhoramento quanto aos seus objetivos (SIMMONDS, 1979; SIMMONDS, 1989; GONÇALVES *et al.*, 1993): (i) seleção intrapopulacional de indivíduos, visando a instalação de pomares de sementes ou melhoramento a longo prazo; (ii) seleção de parentais com base em teste de suas progênies, visando a instalação de pomares de sementes; (iii) seleção de clones visando a utilização em plantios comerciais; (iv) seleção em plantios geneticamente heterogêneos e substituição das piores plantas por materiais mais melhorados.

Na Tabela 1 são apresentadas as estimativas dos parâmetros genéticos utilizados no presente trabalho com respectivas citações dos trabalhos originais de onde foram obtidos.

### OBTENÇÃO DE ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS A PARTIR DOS DADOS DE LITERATURA

As herdabilidades ao nível de médias de família de meios-irmãos e médias de clones foram transformadas em herdabilidades a nível de indivíduos a partir das expressões, respectivamente:

$$h_{fm}^2 = \frac{1+(N-1)(1/4)}{1+(N-1)(1/4)h_{fi}^2} h_{fi}^2 \quad (\text{RESENDE \& HIGA, 1994a})$$

Tabela 1 - Estimativas de parâmetros genéticos associados ao caráter produção de borracha em seringueira e citações dos trabalhos originais

*Table 1 - Estimates of genetic parameters associated to rubber production in rubber trees and references of the original papers*

parâmetro <sup>n</sup> <i>parameter*</i>	estimativa <i>estimate</i>	fonte <i>source</i>	idade (meses) <i>age (months)</i>
$h_{am}^2$	0,927	GONÇALVES <i>et al.</i> (1980)	24
	0,956	PAIVA <i>et al.</i> (1982a)	24
		GONÇALVES <i>et al.</i> (1983)	
		GONÇALVES <i>et al.</i> (1984)	
	0,847	VASCONCELOS <i>et al.</i> (1983)	12
$h_{ar}^2$	0,924	GONÇALVES <i>et al.</i> (1995)	várias/several
	0,990	VASCONCELOS & VALOIS (1986)	12
	0,270	TAN (1979)	várias/several
	0,340	TAN (1979)	várias/several
$h_{n-n}$	0,375	VALOIS <i>et al.</i> (1979)	24
	0,378	PAIVA <i>et al.</i> (1982b)	16
		PAIVA <i>et al.</i> (1983)	16
	0,895	MORETI <i>et al.</i> (1994)	36
	0,733	BOOCK <i>et al.</i> (1995)	36
$h_{n-n}^2$	0,150	ALIKA (1985)	
	0,194	PAIVA <i>et al.</i> (1982b)	16
		PAIVA <i>et al.</i> (1983)	36
	0,819	MORETI <i>et al.</i> (1994)	36
	0,350	BOOCK <i>et al.</i> (1995)	36
	0,110	TAN <i>et al.</i> (1975)	
$r_{id}$	0,800	GONÇALVES <i>et al.</i> (1982)	12
	0,710	ALIKA (1980)	média de várias/average of several
	0,770	GONÇALVES <i>et al.</i> (1990b)	60
$r_{l-l}$	0,820	GONÇALVES <i>et al.</i> (1990a)	média de várias/average of several
$u_p^2$	38,033	PAIVA <i>et al.</i> (1983)	16
$u_e^2$	90,810	PAIVA <i>et al.</i> (1983)	16
$u_{-}$	691,067	PAIVA <i>et al.</i> (1983)	16
ha	0,165	PAIVA <i>et al.</i> (1983)	16
X	29,201	PAIVA <i>et al.</i> (1983)	16

•  $h_{-III}$   $h_{i-i}$   $h_{n-n}$   $h_{-}$  e  $h_a$  - herdabilidades no sentido amplo ao nível de médias, no sentido amplo a nível de indivíduos, no sentido restrito ao nível de médias de progênes, no sentido restrito a nível de indivíduo e no sentido restrito dentro de progênes, respectivamente;  $r_{id}$  e  $r_{l-l}$  - repetibilidades a nível de indivíduo dentro e entre produções periódicas, respectivamente;  $u_{-}$ ,  $u_{-}$  e  $u_{-}$  - variâncias entre progênes, entre parcelas e dentro de parcelas, respectivamente; X - média geral do caráter/  $h_{im}$ ,  $h_{-}$ ,  $h_{-}$ ,  $h_{-}$  and  $h_a$  - broad sense heritabilities at means level and at individual level and narrow sense heritabilities at means, individual and within progenies levels, respectively;  $r_{id}$  e  $r_{l-l}$  - repeatabilities at individual level, within and between periodical productions, respectively;  $u_{-}$ ,  $u_{-}$  e  $u_{-}$  - variances among progenies and among and within plots, respectively; X - general mean of the trait

$$h_{am}^2 = \frac{N}{1+(N-1)h_{ai}^2} h_{ai}^2 \quad (\text{RESENDE } et al., 1995a), \text{ onde:}$$

N é o número de plantas empregadas na avaliação de cada progênie ou clone, considerando sobrevivência de 80 %, similar à sobrevivência relatada por MORETI *et al.* (1994).

**EXPRESSÕES BIOMÉTRICAS EMPREGADAS NO DELINEAMENTO DE EXPERIMENTOS DE SELEÇÃO VISANDO A MAXIMIZAÇÃO DA ACURÁCIA SELETIVA**

Foram considerados 18 métodos de avaliação genética/seleção (derivadas com base em RESENDE *et al.*, 1995a e 1995b; RESENDE, 1995). Esses métodos foram subdivididos nos grupos relatados a seguir:

(a) Propagação sexuada do material selecionado

(a.1) Avaliação de uma safra

(1) Seleção de indivíduos em testes de progênies de meios-irmãos, baseada em índice, usando informações do indivíduo e de sua família

O quadrado da acurácia seletiva é dado por:

$$r_{IA}^2 = \left[ \frac{(1-r_g)^2 \frac{2^{N-1}}{N} + \frac{[1+(N-1)r_g]^2}{N}}{1-r_g h_{ni}^2 + \frac{1+(N-1)r_g h_{ni}^2}{N}} \right] h_{ni}^2$$

O número (N) adequado de indivíduos por progênie a ser utilizado nos experimentos, visando atingir determinado valor de acurácia ( $r_{IA}$ ) seletiva é encontrado resolvendo a equação para N.

Nesta situação a acurácia máxima possível com a seleção de indivíduos é dada por:

$$r_{IAmax}^2 = \left[ \frac{(1-r_g)^2}{1-r_g h_{ni}^2} + \frac{r_g^2}{r_g h_{ni}^2} \right] h_{ni}^2$$

(2) Seleção de parentais com base em teste de suas progênies de meios-irmãos

O quadrado da acurácia seletiva é dado por:  $r_{IA}^2 = \frac{1}{4} \frac{N h_{ni}^2}{1+(N-1)r_g h_{ni}^2}$

O número adequado de indivíduos por matriz para se atingir um valor desejado de acurácia é dado por:

Nesta situação com  $N \rightarrow \infty$  é possível obter acurácia de 100 %.

(3) Seleção de indivíduos com base em seus valores fenotípicos

Apresenta o quadrado da acurácia dado por:  $r_{IA}^2 = h_{ni}^2$

(4) Seleção de indivíduos em testes de progênes de irmãos-germanos baseada em índice usando informações do indivíduo e de sua família

O quadrado da acurácia é dado por:

$$r_{IA}^2 = \left[ \frac{(1-r_g)^2 \frac{N-1}{N}}{1 - [r_g h_{ri}^2 + \mu_g (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)]} + \frac{[1+(N-1)r_g]^2 / N}{1+(N-1)[r_g h_{ri}^2 + \mu_g (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)]} \right] h_{ri}^2$$

O número (N) adequado de indivíduos por progênie a ser utilizado nos experimentos, visando atingir determinado valor de acurácia seletiva é encontrado resolvendo a equação para N.

A acurácia máxima possível com a seleção de indivíduos é dada por:

$$r_{IAmax}^2 = \left[ \frac{(1-r_g)^2}{1 - r_g h_{ri}^2 - \mu_g (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)} + \frac{r_g^2}{r_g h_{ri}^2 + \mu_g (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)} \right] h_{ri}^2$$

(a.2) Avaliação de mais de uma safra

(5) Seleção de indivíduos em testes de progênes de meios-irmãos baseada em índice usando informações do indivíduo e de sua família

Neste caso, o quadrado da acurácia é dado por:

$$r_{IA}^2 = \left[ \frac{(1-r_g)^2 \frac{2^{N-1}}{N}}{\frac{1+(m-1)r_i - m r_g h_{ri}^2}{m}} + \frac{[1+(N-1)r_g]^2}{\frac{1+(m-1)r_i + (N-1)m r_g h_{ri}^2}{m}} \right] h_{ri}^2$$

O número de indivíduos para selecionar com determinada acurácia é obtido fixando m e resolvendo a equação para N.

$$\text{A acurácia máxima possível é dada por: } r_{IA}^2 = \left[ \frac{(1-r_g)^2}{r_i - r_g h_{ri}^2} + \frac{r_g^2}{r_g h_{ri}^2} \right] h_{ri}^2$$

(6) Seleção de parentais com base em teste de suas progênes de meios-irmãos

$$\text{O quadrado da acurácia é dado por: } r_{IA}^2 = \frac{1}{4} \left[ \frac{N m h_{ri}^2}{1+(m-1)r_i + m(N-1)r_g h_{ri}^2} \right]$$

O número de indivíduos para selecionar com determinada acurácia é obtido fixando m e resolvendo a equação para N.

A acurácia máxima possível é 1 ou 100 %.

(7) Seleção de indivíduos com base em seus valores fenotípicos

$$\text{O quadrado da acurácia é dado por: } r_{IA}^2 = \frac{m h_{ri}^2}{1+(m-1)r_i}$$

O número de medições necessárias para selecionar indivíduos com

determinada acurácia é dado por:  $m = \frac{r_{IA}^2 (1-r_i)}{h_{ri}^2 - r_i r_{IA}^2}$

A acurácia máxima possível é dada por:  $r_{IA}^2 = \frac{h_{ri}^2}{r_i}$

(8) Seleção de indivíduos em testes de progênie de irmãos-germanos baseada em índice usando informações do indivíduo e de sua família  
O quadrado da acurácia é dado por:

$$r_{IA}^2 = \left[ \frac{(1-r_g)^2 \frac{N-1}{N}}{1+(m-1)r_i - m \left[ \frac{r_g h_{ri}^2 + \mu_g (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)}{m} \right]} + \frac{\left[ 1+(N-1)r_g \right]^2}{1+(m-1)r_i + (N-1)m \left[ \frac{r_g h_{ri}^2 + \mu_g (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)}{m} \right]} \right] h_{ri}^2$$

O número adequado de indivíduos, por progênie a ser utilizado nos experimentos, visando atingir determinado valor de acurácia é obtido fixando  $m$  e resolvendo a equação para  $N$ .

A acurácia máxima possível com a seleção de indivíduos é dada por:

$$r_{IAmax}^2 = \left[ \frac{(1-r_g)^2}{r_i - r_g h_{ri}^2 - \mu_g (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)} + \frac{r_g^2}{r_g h_{ri}^2 + \mu_g (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)} \right] h_{ri}^2$$

(b) Propagação assexuada do material selecionado

(b.1) Avaliação de uma produção periódica

(9) Seleção de indivíduos em testes de progênie de meios-irmãos baseada em índice usando informações do indivíduo e de sua família  
O quadrado acurácia é dado por:

$$r_{IG}^2 = \left[ \frac{(1-r_g)^2 \frac{N-1}{N} + \frac{\left[ 1+(N-1)r_g \right]^2}{N}}{1-r_g h_{ri}^2 + \frac{1+(N-1)r_g h_{ri}^2}{N}} \right] h_{ri}^2 + \left[ \frac{(1-\mu_g)^2 \frac{N-1}{N} + \frac{\left[ 1+(N-1)\mu_g \right]^2}{N}}{1-r_g h_{ri}^2 + \frac{1+(N-1)r_g h_{ri}^2}{N}} \right] (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)$$

O número adequado de indivíduos por progênie para atingir determinada acurácia é obtido resolvendo a equação para  $N$ .

A acurácia máxima possível com a seleção de indivíduos é dada por:

$$r_{IGmax}^2 = \left[ \frac{(1-r_g)^2}{1-r_g h_{ri}^2} + \frac{r_g^2}{r_g h_{ri}^2} \right] h_{ri}^2 + \left[ \frac{(1-\mu_g)^2}{1-r_g h_{ri}^2} + \frac{\mu_g^2}{r_g h_{ri}^2} \right] (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)$$

(10) Seleção de clones a partir de testes clonais

O quadrado da acurácia é dado por:  $r_{IG}^2 = \frac{N h_{ai}^2}{1+(N-1)h_{ri}^2}$

O número adequado de rametes por clone para se atingir um valor

desejado é dado por:  $N = \frac{r_{IG}^2(1-h_{ai}^2)}{h_{ai}^2(1-r_{IG}^2)}$

Nesta situação com  $N \rightarrow \infty$  também é possível obter acurácia de 100 %.

(11) Seleção de indivíduos com base em seus valores fenotípicos

Apresenta o quadrado da acurácia dado por:  $r_{IG}^2 = h_{ai}^2$

(12) Seleção de indivíduos em testes de progênie de irmãos-germanos baseada em índice usando informações do indivíduo e de sua família.

O quadrado da acurácia é dado por:

$$r_{IG}^2 = \left[ \frac{(1-r_g)^2 \frac{N-1}{N} + \frac{[1+(N-1)r_g]^2}{N}}{1 - [r_g h_{ri}^2 + \mu_g(h_{ai}^2 - h_{ri}^2)]} + \frac{[1+(N-1)r_g]^2}{N} \right] h_{ri}^2 +$$

$$+ \left[ \frac{(1-\mu_g)^2 \frac{N-1}{N} + \frac{[1+(N-1)\mu_g]^2}{N}}{1 - [r_g h_{ri}^2 + \mu_g(h_{ai}^2 - h_{ri}^2)]} + \frac{[1+(N-1)\mu_g]^2}{N} \right] (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)$$

O número adequado de indivíduos por progênie para atingir determinada acurácia é obtido resolvendo a equação para N.

A acurácia máxima possível com a seleção de indivíduos é dada por:

$$r_{IGmax}^2 = \left[ \frac{(1-r_g)^2}{1 - r_g h_{ri}^2 - \mu_g(h_{ai}^2 - h_{ri}^2)} + \frac{r_g^2}{r_g h_{ri}^2 + \mu_g(h_{ai}^2 - h_{ri}^2)} \right] h_{ri}^2 +$$

$$+ \left[ \frac{(1-\mu_g)^2}{1 - r_g h_{ri}^2 - \mu_g(h_{ai}^2 - h_{ri}^2)} + \frac{\mu_g^2}{r_g h_{ri}^2 + \mu_g(h_{ai}^2 - h_{ri}^2)} \right] (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)$$

(b.2) Avaliação de mais de uma safra

(13) Seleção de indivíduos em testes de progênie de meios-irmãos baseada em índice usando informações do indivíduo e de sua família.

O quadrado da acurácia é dado por:

$$r_{IG}^2 = \left[ \frac{(1-r_g)^2 \frac{2^{N-1}}{N} + \frac{[1+(N-1)r_g]^2}{N}}{\frac{1+(m-1)r_1 - m r_g h_{ri}^2}{m}} + \frac{[1+(N-1)r_g]^2}{\frac{1+(m-1)r_1 + (N-1)m r_g h_{ri}^2}{m}} \right] h_{ri}^2 +$$



$$+ \left[ \frac{(1-\mu_g)^2 \frac{N-1}{N} + \frac{[1+(N-1)\mu_g]^2}{N}}{\frac{1+(m-1)r_i - m r_g h_{ri}^2}{m} + \frac{1+(m-1)r_i + (N-1)m r_g h_{ri}^2}{m}} \right] (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)$$

O número de indivíduos para selecionar com determinada acurácia é obtido fixando  $m$  e resolvendo a equação para  $N$ .

A acurácia máxima possível é dada por:

$$r_{IG}^2 = \left[ \frac{(1-r_g)^2}{r_i - r_g h_{ri}^2} + \frac{r_g^2}{r_g h_{ri}^2} \right] h_{ri}^2 + \left[ \frac{(1-\mu_g)^2}{r_i - r_g h_{ri}^2} + \frac{\mu_g^2}{r_g h_{ri}^2} \right] (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)$$

(14) Seleção de clones a partir de testes clonais

O quadrado da acurácia é dado por:  $r_{IG}^2 = \frac{N m h_a^2}{[1+(m-1)r_i + (N-1)m h_{ai}^2]}$

O número de indivíduos para selecionar com determinada acurácia é obtido fixando  $m$  e resolvendo a equação para  $N$ .

A acurácia máxima possível é 1 ou 100 %.

(15) Seleção de indivíduos com base em seus valores fenotípicos

O quadrado da acurácia é dado por:  $r_{IG}^2 = \frac{m h_{ai}^2}{1+(m-1)r_i}$

O número de medições necessárias para selecionar indivíduos com

determinada acurácia é dado por:  $m = \frac{r_{IG}^2 (1-r_i)}{h_{ai}^2 - r_i r_{IG}^2}$

A acurácia máxima possível é dada por:  $r_{IG}^{2 \max} = \frac{h_{ai}^2}{r_i}$

(16) Seleção de indivíduos em testes de progênes de irmãos-germanos baseada em índice usando informações do indivíduo e de sua família

O quadrado da acurácia é dado por:

$$r_{IG}^2 = \left[ \frac{(1-r_g)^2 \frac{N-1}{N}}{1+(m-1)r_i - m [r_g h_{ri}^2 + \mu_g (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)]} \right] +$$

$$\begin{aligned}
& \left. \frac{\frac{[1 + (N-1)r_g]^2}{N}}{1 + (m-1)r_i + (N-1)m \left[ \frac{r_g h_{ri}^2 + \mu_g (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)}{m} \right]} \right\} h_{ri}^2 + \\
& \left[ \frac{(1-\mu_g)^2 \frac{N-1}{N}}{1 + (m-1)r_i - m \left[ \frac{r_g h_{ri}^2 + \mu_g (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)}{m} \right]} \right] + \\
& \left. \frac{\frac{[1 + (N-1)\mu_g]^2}{N}}{1 + (m-1)r_i + (N-1)m \left[ \frac{r_g h_{ri}^2 + \mu_g (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)}{m} \right]} \right\} (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)
\end{aligned}$$

O número adequado de indivíduos, por progênie para atingir determinada acurácia é obtido fixando  $m$  e resolvendo a equação para  $N$ .

A acurácia máxima possível é dada por:

$$\begin{aligned}
r_{IGmax}^2 &= \left[ \frac{(1-r_g)^2}{r_i - r_g h_{ri}^2 - \mu_g (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)} + \frac{r_g^2}{r_g h_{ri}^2 + \mu_g (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)} \right] h_{ri}^2 + \\
&+ \left[ \frac{(1-\mu_g)^2}{r_i - r_g h_{ri}^2 - \mu_g (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)} + \frac{\mu_g^2}{r_g h_{ri}^2 + \mu_g (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)} \right] (h_{ai}^2 - h_{ri}^2)
\end{aligned}$$

(c) Permanência dos indivíduos selecionados no mesmo microambiente

(c.1) Avaliação de uma produção periódica

(17) Seleção de indivíduos com base em seus valores fenotípicos permanentes

Apresenta quadrado da acurácia dado por:  $r_{IGEP}^2 = r_i$

(c.2) Avaliação de mais de uma safra

(18) Seleção de indivíduos com base em seus valores fenotípicos permanentes

O quadrado da acurácia dado por:  $r_{IGEP}^2 = \frac{mr_i}{1 + (m-1)r_i}$

Com base na repetibilidade do caráter, o número  $m$  de medições para

selecionar indivíduos com determinada acurácia equivale a:  $m = \frac{r_{IGEP}^2(1-r_i)}{r_i(1-r_{IGEP}^2)}$

Com  $m \rightarrow \infty$ , a acurácia máxima equivale a 100 %.

Nas expressões biométricas apresentadas  $r_g$ , denota duas vezes o coeficiente de parentesco de Malecot e  $\mu_g$  o coeficiente de parentesco de dominância.

#### COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE SELEÇÃO GENÉTICA SELEÇÃO DE INDIVÍDUOS EM TESTES DE PROGÊNIES DENTRO DE UMA SAFRA

Foram comparados seis métodos de seleção: (i) entre e dentro de progênies (visando a propagação sexuada e assexuada); (ii) índice multi-efeitos, visando a propagação por sementes e visando a propagação clonal; (iii) seleção individual ou massal (visando a propagação sexuada e assexuada).

Para a seleção individual, entre e dentro de progênies utilizaram-se as expressões apresentadas por VENCOVSKY & BARRIGA (1992). As expressões biométricas referentes aos outros dois métodos são apresentadas a seguir com base nos trabalhos de RESENDE & HIGA (1994a) e RESENDE & HIGA (1994b).

Método (ii): índice multi-efeitos visando a propagação por sementes. A estimação de valores genéticos VG é realizada pela expressão:

$$VG = \bar{X}_{..} + h_d^2(X_{ijk} - \bar{X}_{ij.}) + h_m^2(\bar{X}_{i..} - \bar{X}_{...}) + h_p^2(\bar{X}_{ij.} - \bar{X}_{i..} - \bar{X}_{.j.} + \bar{X}_{...}),$$

onde:

$\bar{X}_{...}$  - média geral do experimento;

$X_{ijk}$  - valor do indivíduo  $ijk$ ;

$\bar{X}_{ij.}$  - média da parcela  $ij$ ;

$\bar{X}_{i..}$  - média da progênie  $i$ ;

$\bar{X}_{.j.}$  - média do bloco  $j$ .

- herdabilidade no sentido restrito, associada ao efeito de indivíduo na

parcela:  $h_d^2 = \frac{(1-r_g)\sigma_A^2}{\sigma_d^2}$

- herdabilidade no sentido restrito, associada ao efeito de progênie:

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

- herdabilidade no sentido restrito, associada ao efeito de parcela:

$$h_p^2 = \frac{[(1-r_g)/n]\sigma_A^2}{\sigma_d^2/n + \sigma_e^2}$$

$n, b$  - número de plantas por parcela e de blocos, respectivamente.

$\sigma_A^2$  - variância genética aditiva.

Por esse método a seleção é realizada com base nos valores de VG e o ganho genético é calculado pela expressão:

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

onde  $p$  é o número de progênies avaliadas e  $K$  o diferencial de seleção padronizado.

Para efeito de cálculo considerou-se:  $\frac{n-1}{n} = \frac{p-1}{p} = \frac{b-1}{b} = 1$

Método (iii): índice multi-efeitos, visando a propagação clonal.

A estimação de valores genotípicos VG<sub>p</sub> é realizada pela expressão:

$$VG_p = \bar{X}_{...} + b_1(X_{ijk} - \bar{X}_{ij.}) + b_2(\bar{X}_{i..} - \bar{X}_{...}) + b_3(\bar{X}_{ij.} - \bar{X}_{i..} - \bar{X}_{.j.} + \bar{X}_{...})$$

$$VG_p = \bar{X}_{...} + \left[ h_d^2 + \frac{(1-\mu_g)\sigma_D^2}{\sigma_d^2} \right] (X_{ijk} - \bar{X}_{ij.}) + \left[ h_m^2 + \frac{\left\{ [1+(nb-1)\mu_g] / nb \right\} \sigma_D^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2 / b + \sigma_d^2 / nb} \right] (\bar{X}_{i..} - \bar{X}_{...}) + \left[ h_p^2 + \frac{[(1-\mu_g)/n]\sigma_D^2}{\sigma_d^2 / n + \sigma_e^2} \right] (\bar{X}_{ij.} - \bar{X}_{i..} - \bar{X}_{.j.} + \bar{X}_{...})$$

Esses ponderadores (bi) dos valores fenotípicos são herdabilidades, no sentido amplo, associadas aos diferentes efeitos do modelo matemático.

Neste estudo assumiu-se ausência de epistasia, grau médio de dominância 1,0 e populações com frequência alélica média ( $\bar{p}$ ) dos alelos favoráveis intermediária, ou seja,  $\bar{p} = 0,5$ . Neste caso,  $\sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 0,5$  (VENCOVSKY, 1969), ou seja,  $\sigma_D^2 = 0,5 \sigma_A^2$  ( $\sigma_D^2$  é a variância genética de dominância).

No presente estudo  $\mu_g = 0$ , pois tratam-se de progênies de meios-irmãos. Por esse método a seleção é realizada com base nos valores de VG<sub>p</sub> e, o ganho genético é calculado pela expressão G<sub>s</sub> fornecida anteriormente, porém substituindo  $h_d^2$ ,  $h_m^2$  e  $h_p^2$  por  $b_1, b_2$  e  $b_3$ , respectivamente.

Para efeito de intensidade de seleção, neste estudo considerou-se uma população composta por 100 progênies, instaladas em 12 blocos com cinco plantas por parcela, onde foram selecionados 30 indivíduos ( $i = 0,005$ ) (sendo os três melhores indivíduos das 10 melhores famílias para a seleção entre e dentro de progênies). Foram utilizados os componentes de variância e parâmetros genéticos relatados por PAIVA *et al.* (1983).

**COMPARAÇÃO GERAL DE MÉTODOS DE SELEÇÃO, ENVOLVENDO UMA E VÁRIAS SAFRAS E OS SISTEMAS DE PROPAGAÇÃO SEXUADA E ASSEXUADA**

Foram comparados os 18 métodos de seleção descritos no item 2.3., empregando-se os parâmetros:  $h_{ai}^2, h_{ri}^2$  e  $r_i$ .

Os ganhos genéticos foram calculados com base nas expressões:

$G_S = K r_{IA} \sigma_A$  - para a seleção visando a propagação sexuada.

$G_S = K r_{IG} (\sigma_A^2 + \sigma_D^2)^{1/2}$  - para a seleção visando a propagação assexuada.

$G_S = K r_{IGEP} (\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_{ep}^2)^{1/2}$  - para seleção visando apenas a remoção das piores plantas.

Considerando os parâmetros padrões  $h_{ai}^2, h_{ri}^2$  e  $r_i$ , calculou-se  $\sigma_D^2 = 0,5\sigma_A^2$  e  $\sigma_{ep}^2 = 2,5\sigma_A^2$  e portanto:

$G_S = K r_{IA} \sigma_A$  - para a seleção visando a propagação sexuada.

$G_S = K r_{IG} 1,225\sigma_A$  - para a seleção visando a propagação assexuada.

$G_S = K r_{IGEP} 2\sigma_A$  - para seleção visando apenas a remoção das piores plantas.

Uma vez que  $\sigma_A$  e  $K$  são constantes através dos diferentes métodos, os ganhos genéticos foram comparados apenas através de  $r_{IA}$ ,  $1,225 r_{IG}$  e  $2 r_{IGEP}$ , para os três sistemas, respectivamente.

Os métodos foram também comparados para situações de intensidades de seleção ( $K$ ) diferentes. Inicialmente fixou-se a população experimental em 10.000 plantas, número esse que maximiza a intensidade de seleção para caracteres com  $h_{ri}^2 = 0,20$  (RESENDE, 1995). Posteriormente determinaram-se o número de parentais e clones que poderiam ser avaliados com uma população deste tamanho, considerando o  $N$  necessário para se atingir 95 % da acurácia seletiva máxima possível.

**RESULTADOS E DISCUSSÃO**

**CONTROLE GENÉTICO DO CARÁTER PRODUÇÃO DE BORRACHA**

Na Tabela 2 é apresentado um sumário dos parâmetros descritivos do controle genético do caráter produção de borracha, extraídos ou calculados a partir de dados de literatura.

Com base nos valores médios relatados na Tabela 2, pode-se assumir 0,20; 0,30 e 0,80 como valores padrões para  $h_{ri}^2$ ,  $h_{ai}^2$  e  $r_i$ , respectivamente. Com base nos valores padrões de  $h_{ai}^2$  e  $h_{ri}^2$  e assumindo ausência de epistasia, tem-se que  $\sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 0,5$ . Esse resultado concorda com os relatos de SIMMONDS (1969) e TAN & SUBRAMANIAN (1976) que concluíram que a variância aditiva é mais importante que a não aditiva, no controle do caráter produção de borracha. Assumindo que todas as populações amostradas apresentam em média frequência alélica média ( $\bar{p}$ ) para os alelos favoráveis igual a 0,5, pode-se dizer que o grau médio de dominância do caráter produção de

Tabela 2 - Coeficientes de herdabilidade no sentido restrito a nível de indivíduo ( $h_{ni}^2$ ), herdabilidade no sentido amplo a nível de indivíduo ( $h_{ai}^2$ ) e de repetibilidade a nível de indivíduo ( $r_i$ ) associados ao caráter produção de borracha em seringueira

Table 2 - Narrow sense heritability coefficients at individual level ( $h_{ni}^2$ ), broad sense heritability at individual level ( $h_{ai}^2$ ) and coefficient of repeatability at individual level ( $r_i$ ) associated to rubber production in rubber trees

parâmetro <i>parameter</i>	estimativa* <i>estimate*</i>	fonte <i>source</i>	média <i>average</i>
$h_{ni}^2$	0,194	PAIVA <i>et al.</i> (1983)	
	0,110	TAN <i>et al.</i> (1975)	
	0,340	TAN <i>et al.</i> (1975)	
	0,350	BOOCK <i>et al.</i> (1995)	
	0,072	VALOIS <i>et al.</i> (1979)	
	0,150	ALIKA (1985)	0,213
$h_{ai}^2$	0,270	TAN (1979)	
	0,340	TAN (1979)	
	0,266	GONÇALVES <i>et al.</i> (1980)	
	0,390	GONÇALVES <i>et al.</i> (1983)	
	0,299	VASCONCELOS <i>et al.</i> (1983)	
	0,336	GONÇALVES <i>et al.</i> (1995)	0,317
$r_i$	0,800	GONÇALVES <i>et al.</i> (1982)	
	0,820	GONÇALVES <i>et al.</i> (1990b)	
	0,710	ALIKA (1980)	
	0,770	GONÇALVES <i>et al.</i> (1990a)	0,780

\*foram descartadas as estimativas de herdabilidade obtidas por VASCONCELOS & VALOIS (1986) e MORETI *et al.* (1994) devido a ultrapassarem as estimativas obtidas para o coeficiente de repetibilidade, fato que não é coerente com a definição teórica desses parâmetros  
*estimates of heritabilities obtained by VASCONCELOS & VALOIS (1986) and MORETI et al. (1994) were not used due to high values, which are teoretically unexpected*

borracha equivale a 1,0, ou seja dominância completa. Este resultado denota que a heterose deva ser explorada com maior ênfase no melhoramento da seringueira. E isto pode ser feito adotando-se esquemas de seleção recorrente recíproca. PAIVA & GONÇALVES (1989) destacam a boa performance de alguns clones nacionais e estrangeiros, originados de cruzamentos entre clones primários, em relação aos clones de gerações mais avançadas. Provavelmente, essa superioridade seja devida aos efeitos da heterose.

O conhecimento dos três referidos parâmetros são essenciais ao planejamento de estratégias de melhoramento de espécies perenes que permitem a propagação vegetativa e a tomada de medições repetidas em cada indivíduo, para o caráter de interesse. Exemplos típicos desses caracteres são: produção de borracha em seringueira, produção de massa foliar em erva-mate, produção de resina em *Pinus* e produção de frutos em várias espécies perenes.

No presente trabalho, os valores padrões obtidos a partir da literatura

foram considerados no planejamento dos métodos de avaliação genética e seleção. Entretanto, se o melhorista de seringueira obtiver outros valores desses parâmetros, mais adequados às suas populações, poderá facilmente refazer os cálculos, utilizando as expressões apresentadas neste trabalho.

#### AVALIAÇÃO GENÉTICA E DELINEAMENTO DE EXPERIMENTOS DE SELEÇÃO PARA A MAXIMIZAÇÃO DA ACURÁCIA SELETIVA

Considerando os parâmetros padrões  $h_{f1}^2 = 0,20$ ,  $h_{ai}^2 = 0,30$  e  $r_1 = 0,80$ , as acurácias máximas possíveis e número de avaliações (indivíduos por acesso e/ou por medições por indivíduo), visando a seleção com 95 % da acurácia máxima são apresentados na Tabela 3.

Constata-se que, de maneira geral, para os métodos de seleção (de indivíduos) envolvendo progênes de meios-irmãos e irmãos-germanos e de clones com base em testes clonais não é vantajoso realizar mais de uma avaliação por indivíduo, pois o aumento na acurácia máxima possível é muito baixo (Tabela 3). Por outro lado, para os métodos (3 e 7; 11 e 15; 17 e 18) de seleção envolvendo apenas a entidade indivíduo é vantajoso (aumenta em 5 % ou mais a acurácia máxima) a realização de duas medições por indivíduo. Também para a seleção de parentais é vantajoso a realização de duas medições por indivíduo, pois, embora a acurácia máxima possível mantenha-se estável em 1,0, com duas medições o número necessário de indivíduos por parental passa de 176 para 158. O pequeno número de medições por indivíduo é favorável à redução do ciclo de melhoramento da espécie (GONÇALVES *et al.*, 1988).

Tomando-se como base apenas a acurácia máxima possível tem-se que são melhores os seguintes métodos pela ordem, e já considerando a vantagem ou não de se realizar mais de uma medição por indivíduo:

- a) Propagação sexuada
  - Seleção de parentais (método 6,  $m=2$ )
  - Seleção de indivíduos em testes de progênes de irmãos-germanos (método 4,  $m=1$ )
  - Seleção de indivíduos em testes de progênes de meios-irmãos (método 1,  $m=1$ )
  - Seleção individual (método 7,  $m=2$ )
- b) Propagação assexuada
  - Seleção com base em testes clonais (método 10,  $m=1$ )
  - Seleção de indivíduos em testes de progênes de irmãos-germanos (método 12,  $m=1$ )
  - Seleção de indivíduos em testes de progênes de meios-irmãos (método 9,  $m=1$ )
  - Seleção individual (método 15,  $m=2$ )
- c) Permanência dos indivíduos selecionados no mesmo microambiente
  - Seleção individual (método 18,  $m=2$ )
  - Seleção individual (método 17,  $m=1$ )

De maneira geral, os métodos descritos no item (b) são adequados à identificação de indivíduos destinados à plantios clonais e/ou estabelecimento de

Tabela 3 - Acurácias máximas possíveis associadas a vários métodos de seleção em seringueira e número de indivíduos por acesso e medições por indivíduo, visando a obtenção de 95 % da acurácia máxima possível

*Table 3 - Maxim accuracies associated to several selection methods in rubber tree and numbers of individuals per entry and of measurements per individual, aiming to obtain 95 % of the maxim accuracy*

métodos <sup>a</sup> methods	acurácia máxima maxim accuracy	número indivíduos por acesso <i>number of individuals per entry</i>	número de medições/indivíduo <i>number of measurements per individual</i>
1	0,61	80	1,0
2	1,00	176	1,0
3	0,45		1,0
4	0,68	43	1,0
5	0,63	96	2,0
6	1,00	158	2,0
7	0,50		2,3
8	0,69	42	2,0
9	0,69	54	1,0
10	1,00	21	1,0
11	0,55		1,0
12	0,76	33	1,0
13	0,73	120	2,0
14	1,00	19	2,0
15	0,61		2,1
16	0,78	38	2,0
17	0,89		1,0
18	0,89		2,3

<sup>a</sup>nestes métodos deve-se considerar 100 % da acurácia máxima/in *these methods, maxim accuracy must be considered*

<sup>b</sup>métodos conforme descrito no item Material e *Métodos/methods as described in the item "Material e Métodos"*

testes donais. Os métodos descritos no item (a) são adequados ao melhoramento de populações, visando abastecer a curto e a longo prazos o programa (b) de propagação assexuada. Por outro lado, o sistema (c) é adequado à remoção (e substituição) de indivíduos inferiores de um plantio e pode ter aplicação limitada, pois em geral os plantios são clonais e grandes áreas são plantadas com um único clone. Estes métodos teriam aplicação em plantios heterogêneos (de pequeno produtor ou em sistemas agroflorestais), onde com apenas duas medições por indivíduo e 100 % de acurácia poder-se-ia elevar a produtividade média do povoamento, através da substituição dos piores indivíduos por outros com maior grau de melhoramento. Em termos de experimentação verifica-se que demandam, pela ordem, menor número (N) de indivíduos por acesso os seguintes métodos, independentemente do número de medições por indivíduo: seleção clonal, seleção de indivíduos em testes de progênies de irmãos-germanos, sele-



ção de indivíduos em testes de progênies de meios-irmãos e seleção de parentais. Esta ordem é coerente com a ordem dos maiores coeficientes de correlação intraclasse associados a avaliação destes materiais, cujas covariâncias genéticas  $\sigma_p^2$  são dadas por:  $(\sigma_A^2 + \sigma_D^2)$ ,  $[(1/2)\sigma_A^2 + (1/4)\sigma_D^2]$ ,  $[(1/4)\sigma_A^2]$  e  $[(1/4)\sigma_A^2]$  respectivamente. A seleção de parentais demanda maior N do que a seleção envolvendo progênies de meios-irmãos devido à maior acurácia máxima possível.

#### SELEÇÃO GENÉTICA

##### Seleção de indivíduos em testes de progênies dentro de uma safra

Verifica-se na Tabela 4, que a seleção de indivíduos em testes de progênies é muito mais eficiente quando se usa um índice combinando as informações do indivíduo e da família a que pertence, do que a tradicional seleção entre e dentro de progênies. Esta superioridade foi verificada para os dois sistemas de propagação: sexuada e assexuada.

Em função destes resultados e por ser em geral um método inferior, a seleção entre e dentro de progênies não foi considerada nas comparações de métodos de seleção empregados neste trabalho.

#### COMPARAÇÃO GERAL DE MÉTODOS DE SELEÇÃO, ENVOLVENDO UMA E VÁRIAS SAFRAS E OS SISTEMAS DE PROPAGAÇÃO SEXUADA E ASSEXUADA

Ignorando-se os métodos 17 e 18 devido à baixa aplicabilidade prática para a seringueira (item 3.2.), os métodos serão comparados com base nos resultados da Tabela 5. Os ganhos associados aos métodos 17 e 18 são ganhos fenotípicos permanentes e não ganhos genéticos e apresentaram-se altos devido à alta variância ambiental associada ao efeito permanente de microambiente.

À mesma intensidade de seleção, todos os métodos associados ao sistema de propagação vegetativa foram superiores aos métodos associados ao sistema de propagação sexuada exceto à seleção de parentais. Inclusive, os métodos (11 e 15) de seleção individual visando a propagação vegetativa foram superiores a métodos (1,4, 5 e 8) baseados em avaliações de famílias porém visando à propagação sexuada. Nesta situação, os melhores métodos foram: seleção com base em testes clonais (métodos 10 e 14); seleção de parentais (métodos 2 e 6); seleção de indivíduos em testes de progênies de irmãos-germanos visando à propagação vegetativa (12 e 16).

A diferentes intensidades de seleção (para uma mesma população experimental) ocorrem algumas inversões, pois as intensidades de seleção referentes à seleção de parentais e seleção com base em testes clonais decrescem drasticamente. Nesta situação, a seleção de parentais (métodos 2 e 6) é o pior de todos os métodos e a seleção com base em testes clonais (métodos 1a e 14) praticamente se equivale a seleção de indivíduos em testes de progênies de meios-irmãos, visando a propagação assexuada (métodos 9 e 13). Os demais métodos mantêm as suas superioridades relativas. Em geral, os melhores

Tabela 4 - Comparação entre métodos de seleção de indivíduos em testes de progênie"   
 Table 4 - Comparison between selection methods of individuals in progeny tests\*

<i>método/method</i>	<i>ganho genético (%) / genetic gain (%)</i>
entre e dentro de progênie (sexuada) <i>among and within progenies (sexually)</i>	53,49
individual (sexuada) <i>individual (sexually)</i>	55,00
índice multi-efeitos (sexuada) <i>multi-effects index (sexually)</i>	74,81
entre e dentro de progênie (assexuada) <i>among and within progenies (assexually)</i>	74,99
individual (assexuada) <i>individual (assexually)</i>	78,87
índice multi-efeitos (assexuada) <i>multi-effects index (assexually)</i>	82,12

\*foram utilizados os dados relatados por PAIVA *et al.* (1983);  $h^2$  foi calculado como 4,55 %;  $b_1 = 0,275$ ;  $b_2 = 0,397$  e  $b_3 = 0,0758$  foram as herdabilidades no sentido amplo associados aos efeitos de indivíduo dentro de progênie, de progênie e de parcela, respectivamente   
*"results from PAIVA et al. (1983) were used;  $h^2 = 4,55\%$  and the following broad sense heritabilities estimates were obtained:  $b_1 = 0,275$ ;  $b_2 = 0,397$  and  $b_3 = 0,0758$  for individuals within progenies, progenies and plot, respectively*

métodos são: seleção de indivíduos em testes de progênie de irmãos-germanos, visando a propagação assexuada; seleção de clones a partir de testes clonais; seleção de indivíduos em testes de progênie de meios-irmãos, visando a propagação assexuada. E estes métodos podem ser aplicados usando a avaliação de apenas uma safra.

Deve-se ressaltar, porém, que a seleção com base em testes clonais é o método mais acurado e deverá conduzir a menores variâncias dos ganhos genéticos preditos (RESENDE *et al.*, 1995b), significando maior probabilidade de concretização (realização) dos ganhos estimados.

Quanto ao tipo de cruzamento a ser utilizado na geração de novas progênie, verifica-se que progênie de irmãos germanos conduzem a ganhos genéticos superiores à progênie de meios-irmãos, na ordem 7 % a 12 % (Tabela 5).

## CONCLUSÕES

Considerando como verdadeiros (ou aproximadamente) os parâmetros herdabilidade no sentido amplo (0,30), herdabilidade no sentido restrito (0,20) e repetibilidade a nível de indivíduo (0,80), são válidas as seguintes conclusões referentes ao caráter produção de borracha em seringueira:

O grau médio de dominância associado ao caráter é alto (dominância

Tabela 5 - Comparação de métodos de seleção visando ao melhoramento genético do caráter produção de borracha em seringueira (seleção de dez indivíduos em cada método)  
*Tab/e 5 - Comparison of selection methods aiming the genetic improvement of the Irail rubber production in rubber tree (selection of the best ten individuals in each method)*

método** <i>method</i>	acurácia máxima (95 %) <i>maxim accuracy</i>	n.º de indivíduos por entrada <i>number of individuals per entry</i>	n.º de entradas <i>number of entries</i>	diferencial de seleção padronizado <i>standard selection differential</i>	ganho genético (mesma intensidade de seleção) <i>genetic gain (same selection intensity)</i>	ganho genético (diferentes intensidades) <i>genetic gain (different intensities)</i>
I	0,58	80	125	3,37	0,58(1,29)	1,95(1,39)
2	0,95	176	57	1,47	0,95(2, II)	1,40(1,00)
3*	0,45	10.000	I	3,37	0,45(1,00)	1,52(1,09)
4	0,65	43	233	3,37	0,65(1,44)	2,19(1,56)
5	0,60	96	105	3,37	0,60(1,33)	2,01(1,44)
6	0,95	158	64	1,54	0,95(2,11)	1,46(1,04)
7	0,48	10.000	I	3,37	0,48(1,07)	1,62(1,16)
8	0,66	42	238	3,37	0,66(1,47)	2,22(1,59)
9	0,66	54	186	3,37	0,81(1,80)	2,73(1,95)
10	0,95	21	477	2,42	1,16(2,58)	2,81(2,01)
11*	0,55	10.000	I	3,37	0,67(1,49)	2,26(1,61)
12	0,72	33	303	3,37	0,88(1,96)	2,97(2,12)
13	0,69	120	84	3,37	0,85(1,89)	2,86(2,04)
14	0,95	19	527	2,44	1,16(2,58)	2,83(2,02)
15	0,58	10.000	I	3,37	0,71(1,58)	2,39(1,71)
16	0,74	38	264	3,37	0,91(2,02)	3,07(2,19)
17*	0,89	10.000	I	0,80***	1,78(3,96)	1,42(1,01)
18	0,95	10.000	1	0,80***	1,90(4,22)	1,52(1,09)

\*nestes métodos deve se considerar 100 % na acurácia máxima *these methods, maxim accuracy must be considered*

\*\*no métodos 5-8, 12-16 e 18 foram consideradas duas medições (safras) por indivíduo/in *the methods 5-8, 12-16 and 18 two measurements per individual were considered*

\*\*\*seleção de 50 % da população *selection of 50 % of the population*

completa), fato que estimula o desenvolvimento de programas de melhoramento visando capitalizar a heterose;

É vantajosa a realização de duas medições (safras) por indivíduo apenas nos métodos de seleção individual. Nos métodos que envolvem testes de progênies e clonais, apenas uma medição por indivíduo é suficiente para maximizar a eficiência na seleção;

Para a seleção dentro de um teste de progênie o melhor método é o índice multi-efeitos, o qual supera em muito a tradicional seleção entre e dentro de progênies;

À mesma intensidade de seleção, os métodos associados à propagação

vegetativa são superiores aos métodos associados à propagação sexuada, exceto ao método seleção de parentais;

Em geral, os melhores métodos de seleção são, pela ordem: seleção de indivíduos em testes de progênies de irmãos germanos, visando a propagação assexuada; seleção de clones a partir de testes clonais; seleção de indivíduos em testes de progênies de meios-irmãos, visando a propagação assexuada;

A avaliação de progênies de irmãos germanos conduz a ganhos genéticos superiores à avaliação de progênies de meios-irmãos, na ordem de 7 % a 12 %.

#### BIBLIOGRAFIA CITADA

- ALIKA, J. E. 1980. Possibilities of early selection in *Hevea brasiliensis*. *Silvae Genetica*, 29:161-162.
- ALIKA, J. E. 1985. Heritability and genotypic gain from selection rubber (*Hevea brasiliensis*). *Silvae Genérica*, 34(1): 1-4.
- BOOCK, M. V.; GONÇALVES, P. S.; BORTOLETTO, N. & MARTINS, A. L. M. 1995. Herdabilidade, variabilidade genética e ganhos genéticos para produção e caracteres morfológicos em progênies jovens de seringueira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 30(5):673-681.
- CARDOSO, M.; GONÇALVES, P. S.; CAMPANA, M. & LAVORENTI, C. 1991. Desempenho de novos clones de seringueira da série IAC. I. Primeira seleção para a região do planalto do Estado de São Paulo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 26(5):671-680.
- GONÇALVES, P. S.; VASCONCELLOS, M. E. C.; VALOIS, A. C. C. & SILVA, E. B. 1980. Herdabilidade, correlações genéticas e fenotípicas de algumas características de clones jovens de seringueira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 15(2):129-136.
- GONÇALVES, P. S.; ROSSETTI, A. G. & PAIVA, J. R. 1982. Coeficiente de repetibilidade e eficiência do mini-teste de produção na seleção de plantas de seringueira (*Hevea* spp). *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 17(2):233-237.
- GONÇALVES, P. S.; ROSSETTI, A. G.; VALOIS, A. C. C. & VIEGAS, I. J. M. 1983. Coeficiente de determinação genotípica e estimação de outros parâmetros em clones de seringueira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 18(5):527-532.
- GONÇALVES, P. S.; ROSSETTI, A. G.; VALOIS, A. C. C. & VIEGAS, I. J. M. 1984. Estimativas de correlações genéticas e fenotípicas de alguns caracteres quantitativos em clones de seringueira. *Revista Brasileira de Genética*, 7(1):95-107.
- GONÇALVES, P. S.; CARDOSO, M. & BORTOLETTO, N. 1988. Redução do ciclo de melhoramento e seleção na obtenção de cultivares de seringueira. *O Agrônomo*, 40(2):112-129.
- GONÇALVES, P. S.; CARDOSO, M.; COLOMBO, C. A.; ORTOLANI, A. A.; MARTINS, A. L. M. & SANTOS, I. C. L. 1990a. Variabilidade genética da produção anual da seringueira: estimativas de parâmetros genéticos e estudo da interação genótipo x ambiente. *Bragantia*, 49(2):305-320.
- GONÇALVES, P. S.; CARDOSO, M. & SAES, L. A. 1990b. Estimativas de repetibilidade na seleção de árvores adultas de seringueira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 25(7): 1031-1038.

- GONÇALVES, P. S.; GORGULHO, E. P.; BORTOLETTO, N. & MARTINS, A. L. M. 1993. Estratégia para um pomar de sementes de seringueira. Boletim Técnico, 149. IAC. Campinas.
- GONÇALVES, P. S.; MARTINS, A. L. M.; BORTOLETTO, N. & CARVALHO, A. Z. 1995. Broad sense heritability values and possible genetic gains in clonal selections of *Hevea*. Revista Brasileira de Genética, 18(4):605-609.
- mAMA. 1995. Anuário Estatístico - Mercado da Borracha 1991-1993. Brasília, 8/10:64.
- MORETI, D.; GONÇALVES, P. S.; GORGULHO, E. P.; MARTINS, A. L. M. & BORTOLETTO, N. 1994. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos esperados com a seleção de caracteres juvenis em progênies de seringueira. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 29(7):1099-1109.
- PAIVA, J. R.; GONÇALVES, P. S. & ROSETTI, A. G. 1982a. Avaliação do desempenho de clones de seringueira através de índices de seleção. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 17(6):865-872.
- PAIVA, J. R.; MIRANDA FILHO, J. B.; SIQUEIRA, E. R. & VALOIS, A. C. C. 1982b. Predição de ganho de alguns caracteres em seringueira em três esquemas de seleção. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 17(11):1646-1653.
- PAIVA, J. R.; MIRANDA FILHO, J. B.; SIQUEIRA, E. R. & VAI-OIS, A. C. C. 1983. Parâmetros genéticos em seringueira em condições de viveiro. Revista Brasileira de Genética, 6(3):505-525.
- PAIVA, J. R. & KALIL FILHO, A. N. 1985. Melhoramento genético da seringueira. Informe Agropecuário, 11(121):52-57.
- PAIVA, J. R. & GONÇALVES, P. S. 1989. Eficiência do programa de melhoramento da seringueira no Centro Nacional de Pesquisa de Seringueira e Dendê - Nove anos de experiências. Boletim de Pesquisa, 2:1-41.
- PAIVA, J. R.; KAGEYAMA, P. Y. & VENCOSKY, R. 1993. Outcrossing rates and inbreeding coefficients in mbber trees (*Hevea brasiliensis* Wild. Ex. Adr. De Juss Muller. Arg.). Revista Brasileira de Genética, 16(4):1003-1011.
- PEREIRA, J. P. 1992. Seringueira: Formação de mudas, manejo e perspectivas no noroeste do Paraná. IAPAR, Londrina-PR Circular Técnica, 70. 60 p.
- RESENDE, M. D. V. & BIGA, A. R. 1994a. Estimacão 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. & BIGA, A. R. 1994b. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. Boletim de Pesquisa Florestal, 28/29:37-56.
- RESENDE, M. D. V.; STURION, J. A. & MENDES, S. 1995a. Genética e Melhoramento da Erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). EMBRAPA/CNPFFlorestas, Curitiba-PR Série Documentos. 60 p.
- RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J.; SAMPAIO, P. T. & WIECHETECK, M. S. S. 1995b. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção de *Pinus caribaea* varo *hondurensis*. Floresta, 25(1/2):3-16.
- RESENDE, M. D. V. 1995. Delineamento de experimentos de seleção para a maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. Revista Árvore, 19(4):479-500.

- SBS - Sociedade Brasileira de Silvicultura. 1995. A realidade da seringueira no Brasil. *Silvicultura*, 61:27-29.
- SIMMONDS, N. W. 1969. Genetical bases of plant breeding. *Journal of the Rubber Research Institute of Malaysia*, 21:1-10.
- SIMMONDS, N. W. 1979. *Principies of Crop Improvement*. Longman, London. 408 p.
- SIMMONDS, N. W. 1989. Rubber breeding. In: Webster, C. C.; Baulkwill, W. J. (Eds.). *Rubber*. Longman, London. capo 3, p. 85-124.
- TAN, H.; MUKHERJEE, T. K. & SUBRAMANIAN, S. 1975. Estimates of genetic parameters of certain characters in *Hevea brasiliensis*. *Theoretical and Applied Genetics*, 46: 181-190.
- TAN, H. & SUBRAMANIAN, S. 1976. A tivo diallel cross analyses for certain characters of young *Hevea* seedlings. In: *International Rubber Conference, 1975. Proceedings*. Kuala Lumpur: RRIM, 2:13-16.
- TAN, H. 1979. Heritabilities of six biometrical characters of single pair mating families of *Hevea brasiliensis*. *Journal of the Rubber Research Institute of Malaysia*, 27:127-131.
- VALOIS, A. C.; VASCONCELOS, M. E. C.; PINHEIRO, E. & SILVA, E. B. 1979. Emprego do índice de seleção em seringueira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 14(4):351-357.
- VASCONCELLOS, M. E. C.; GONÇALVES, P. S.; VALOIS, A. C. C. & ABREU, C. P. 1983. Índice de seleção para clones de seringueira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 18(9):989-995.
- VASCONCELLOS, M. E. C. & VALOIS, A. C. C. 1986. Estimação de parâmetros genéticos em seringueira sem o emprego de testes de progênies. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 21(7):731-738.
- VENCOVSKY, R. 1969. Genética quantitativa. In: Kerr, W. E. (Org.). *Melhoramento e genética*. São Paulo, p. 17-38.
- VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. 1992. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto. 496 p.
- VIRGENS FILHO, A. C. 1990. *Seringueira - Programa Regional de Pesquisa*. CEPECI CEPLAC, Ilhéus, 32 p.