

PREDIÇÃO DO GANHO GENÉTICO DE ALGUNS CARACTERES
EM SERINGUEIRA EM TRÊS ESQUEMAS DE SELEÇÃO¹

João Rodrigues de Paiva²

José Branco de Miranda Filho³

RESUMO

O presente trabalho teve por objetivo estimar o ganho genético esperado com seleção em alguns caracteres de seringueira (Hevea spp) em três diferentes esquemas de seleção adaptados a este gênero vegetal.

O material utilizado compreende progênies de meio-irmãos, obtidas de sementes colhidas separadamente de 64 seringueiras nativas de várzea e terra firme, previamente selecionadas no município de Manicoré, Estado do Amazonas. Essas progênies foram avaliadas usando o delimitamento em látice simples 8 x 9, no ano agrícola 1976 / 77.

-
- 1 Parte de Dissertação de Mestrado do primeiro autor, apresentada à Escola Superior de Agricultura Luís de Queiróz (ESALQ), para obtenção do grau de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas. Trabalho realizado com recursos financeiros do Convênio SUDHEVEA/EMBRAPA.
 - 2 Eng^o Agr^o, M.Sc. em Genética e Melhoramento de Plantas, Pesquisador do Centro Nacional de Pesquisa da Seringueira, Caixa Postal 319, 69.000 Manaus - AM.
 - 3 Ph.D em Genética, Professor Livre Docente da ESALQ/USP-Dep^o de Genética, Cx.Postal 83, 13.400-Piracicaba-SP.

Entre os caracteres estudados, o maior progresso esperado com seleção foi para o caráter produção de borracha seca (36,33%), no esquema I, isto é, seleção entre famílias de meio-irmãos. No esquema II, o ganho esperado para este caráter foi superior em mais de 5% em relação ao esquema I.

Entre os três esquemas de seleção estudados, constatou-se a viabilidade e a melhor eficiência do esquema II, isto é, seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos. No entanto, espera-se maior progresso pelo esquema III, isto é, seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos com propagação vegetativa das melhores plantas dentro das melhores famílias. O maior progresso em relação ao esquema II é devido à exploração da variância genética dominante; porém, seu uso é limitado a um ciclo de seleção.

Termos para Indexação - Seringueira, melhoramento genético, seleção progresso esperado.

ABSTRACT

PREDICTION OF GENETIC GAIN IN SOME CHARACTERS IN RUBBER TREE (Hevea spp) IN THREE DIFFERENT SCHEMES OF SELECTION

The objective of this work was to estimate the expected genetic gain with selection in some rubber tree characters in three different schemes of selection

Half sib progenies from 64 trees previously selected in native jungle from "varzea" (seasonal flooded areas) and "terra firme" (unflooded areas) collected around Manicoré city, Amazonas State, were the material

utilized. A 8 by 8 simple lattice design was used for the progeny evaluation.

Among the characters studied a large expected increase was found for yield (36.33%) in the scheme I, i.e., selection among half sibs families. In the Scheme gain was 5 percent more than scheme I.

Among the three different schemes of selection viability and a better efficiency was observed in scheme II, i.e., selection between and among half sib families. Nevertheless, a large progress is expected by scheme III, i.e., selection between and among the best families with asexual propagation of the best plant in to the best families.

This is due to exploration of the dominant genetic variation. However, its use is limited to a selection circle.

INTRODUÇÃO

O sucesso de um esquema seletivo depende da variação genética disponível na população e, sobretudo, do valor relativo desta frente à variação não genética. Em qualquer ensaio, conforme VANCOVSKY (1978), existem os seguintes componentes: variação devida a diferenças ambientais dentro de parcela (σ_{ew}^2); variação devida a diferenças genéticas entre plantas dentro de parcelas (σ_{gw}^2); variação devida a diferenças entre parcelas (σ_e^2); variação devida a diferenças genéticas entre os tratamentos

(σ_p^2). De todas essas componentes a σ_p^2 e σ_{gw}^2 são as únicas favoráveis aos melhoristas; isto é, deve-se procurar minimizar as demais componentes a fim de maximizar a eficiência da seleção (MIRANDA FILHO, 1978).

O programa de melhoramento genético da seringueira no Brasil foi iniciado com seleções em viveiros originados de sementes de seringueiras nativas de diversos pontos da região Amazônica, objetivando a obtenção de plantas com bom potencial produtivo e resistentes a doenças. Posteriormente, deu-se ênfase aos cruzamentos intra e interespecíficos (BRASIL, 1971). Esses processos, no entanto, apesar de contribuírem para o incremento de alguns caracteres, não foram delineados com base genético-científica, de modo a permitir a predição do ganho genético, obtido em cada ciclo de seleção. Apenas recentemente trabalhos básicos sobre a cultura da seringueira na área de genética (VALOIS e PAIVA 1976; VALOIS 1974; VALOIS *et alii* 1978; SIQUEIRA, 1978) têm permitido o planejamento de métodos de melhoramento e predição do ganho genético esperado com seleção.

O objetivo deste trabalho foi o de estimar o ganho genético esperado com seleção de dezesseis caracteres de seringueira, em três diferentes esquemas de seleção adaptados à sua cultura.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas progênies de meio-irmãos, obtidas de sementes colhidas separadamente de 64 seringueiras nativas, previamente selecionadas em condições de várzea e terra firme, no município de Manicoré, Estado do Amazonas.

O experimento foi instalado em março de 1976, no Campo Experimental do Centro Nacional de Pesquisa da Seringueira, da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA, situado no Km 28/29 da Rodovia AM-010 (Manaus-Itacoatiara), em Manaus (AM).

Utilizou-se o delineamento em látice simples 8 X 8. O plantio das sementes foi feito diretamente no local do ensaio, sendo utilizado o espaçamento de um metro entre linhas e meio metro entre covas, perfazendo parcelas de dez metros, com 21 plantas por parcela.

A coleta dos dados foi iniciada em julho de 1977, dezesseis meses após a instalação do ensaio. Utilizando-se dez plantas competitivas por parcela, foram anotados os seguintes dados por planta: 1) altura da planta (cm); 2) diâmetro do caule (cm) a 5, 10, 15, 20, 25 e 30 centímetros de altura a partir do solo; 3) espessura de casca (mm) a 5, 10, 15, 20, 25 e 30 centímetros de altura a partir do solo; 4) número de lançamentos; 5) comprimento de lançamento (cm); e 6) produção de borracha seca (mg), mediante a aplicação do miniteste de produção, de acordo com a metodologia apresentada por MENDES (1971).

As análises de variância para todos os caracteres foram realizadas com médias de parcelas, obedecendo ao delineamento em látice com observação dentro de parcelas (COCHRAN e COX 1957; STEEL e TORRIE 1960). Os quadrados médios dentro de progênies foram obtidos independentemente, através das médias das estimativas das variâncias individuais dentro de parcelas, ponderadas pelos graus de liberdade.

Segundo a metodologia apresentada por

VENCOVSKY (1969), as estimativas da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), da variância do erro ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$) e da variância fenotípica dentro de progênies ($\hat{\sigma}_d^2$) foram obtidas ao nível de plantas, para cada caráter, separadamente, a partir dos quadrados médios, conforme representação abaixo:

$$\hat{\sigma}_d^2 = Q_3 ; \hat{\sigma}_e^2 = (Q_2 - Q_3/n) ; \hat{\sigma}_p^2 = (Q_1 - Q_2)/r$$

Ainda conforme a mesma metodologia, as estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), da variância fenotípica entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$), e da variância fenotípica entre médias de progênies ($\hat{\sigma}_{\frac{2}{F}}^2$) foram obtidas da seguinte maneira:

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4 \cdot \hat{\sigma}_p^2$$

$$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2$$

$$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 \quad \hat{\sigma}_e^2/r + \hat{\sigma}_d^2/rn = Q_1/r$$

Para o cálculo dos ganhos esperados com seleção, adotou-se o procedimento relatado por VENCOVSKY (1969 e 1978), considerando os seguintes esquemas de seleção:

- I - Seleção entre famílias de meio-irmãos; recombinação das mães selecionadas (seleção para ambos os sexos);
- II - Seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos (seleção para ambos os sexos);

III - Seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos, com propagação vegetativa das melhores plantas dentro das melhores famílias.

As deduções das expressões utilizadas na determinação dos ganhos esperados foram feitas da seguinte maneira:

a) Progresso esperado com seleção entre famílias:

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_1) = \text{Cov } Y, (\bar{X}_{j..} - \bar{X}...) = \text{Cov}(Y, \bar{X}_{j..}) - \text{Cov}(Y, \bar{X}...),$$

sendo que \bar{X}_1 representa o desvio da média de cada progênie ($\bar{X}_{j..}$) em relação à média de todas as progênies ($\bar{X}...$), ou seja, $\bar{X}_1 = \bar{X}_{j..} - \bar{X}...$

No esquema I, y é filho de uma das mães selecionadas que deu origem a uma das famílias de meio-irmãos. A progênie "j" é constituída de meio-irmãos num total de "nr" indivíduos. Portanto, todos os indivíduos da progênie "j" são meio-irmãos de Y. Os indivíduos das demais progênies não têm relação de parentesco com Y. Neste caso, tem-se:

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j..}) = \text{Cov}(MI) = (1/4) \sigma_A^2, \text{ para um sexo}$$

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}...) = \frac{1}{\text{snr}} \{\text{Cov}(Y, \bar{X}...)\} = \frac{1}{\text{snr}} \{(rs-1) \text{Cov}(MI)\}$$

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}...) = 0, \text{ para "snr" suficientemente alto,}$$

onde:

$\text{Cov}(MI)$: Covariância entre meio-irmãos.

Portanto, o progresso esperado com seleção, em ambos os sexos, para o esquema I, é de:

$$Gs_{(I)} = i_1 \cdot \frac{(1/2) \cdot \sigma_A^2}{\sigma_{\bar{F}}}$$

Sendo:

i_1 = função da porcentagem de famílias selecionadas;
 $\sigma_{\bar{F}}$ = desvio fenotípico médio.

No esquema II, Y é um descendente de um indivíduo (mãe), cujo valor fenotípico está contido em $\bar{X}_{j..}$. A progênie "j" é constituída de meio-irmãs num total de "nr" indivíduos; um desses indivíduos é mãe de Y, os demais são meio-tias. Os indivíduos das demais progênies não têm relação de parentesco com Y. Desse modo, o progresso esperado com seleção entre famílias, é de:

$$Cov(Y, \bar{X}_{j..}) = \frac{1}{nr} \{Cov(Y, \bar{X}_{j..})\} = \frac{1}{nr} \{Cov(MF) + (nr-1)Cov(MTS)\}$$

Sendo:

Cov(MF): covariância entre mãe e filho;

Cov(MTS): covariância do tipo meio-tio-sobrinho;

então:

$$Cov(Y, \bar{X}_{j..}) = \frac{1}{nr} \left\{ (1/2) \sigma_A^2 + (nr - 1) 1/8 \sigma_A^2 \right\}$$

$Cov(Y, \bar{X}_{j..}) = (1/8) \sigma_A^2$, para valores altos de "nr", em um sexo.

b) Progresso esperado com seleção dentro de famílias:

$$Cov(Y, \bar{X}_2) = Cov \left\{ Y, (X_{jlm} - X_{jl.}) \right\} = Cov(Y, X_{jlm}) - Cov(Y, \bar{X}_{jl.}),$$

sendo X_2 o desvio entre a observação de um indivíduo (X_{jlm}) e a média da progênie em um só bloco ($\bar{X}_{jl.}$); ou seja, $X_2 = X_{jlm} - \bar{X}_{jl.}$. No esquema II, Y é filho do indivíduo "jlm". Portanto:

$$\text{Cov}(Y, X_{jlm}) = \text{Cov}(MF) = (1/2) \sigma_A^2,$$

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{jl.}) = \frac{1}{n} \{ \text{Cov}(MF) + (n-1) \text{Cov}(MTS) \} = \frac{1}{n} \left\{ \frac{1}{2} \sigma_A^2 + (n-1) \frac{1}{8} \sigma_A^2 \right\}$$

$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{jl.}) = 1/8 \sigma_A^2$, para "n" suficientemente grande, em um só sexo.

Desta forma:

$$\text{Cov}(Y, X_2) = \frac{1}{2} \sigma_A^2 - \frac{1}{8} \sigma_A^2 = \frac{3}{8} \sigma_A^2, \text{ para um sexo.}$$

Finalmente, a expressão do progresso esperado, com seleção para ambos os sexos, para o esquema II é de:

$$Gs \text{ (II)} = i_1 \frac{\frac{1}{4} \sigma_A^2}{\sigma_{\bar{F}}} + i_2 \frac{\frac{3}{4} \sigma_A^2}{\sigma_d},$$

Sendo:

i_1 e i_2 : função da porcentagem de famílias selecionadas e plantas selecionadas dentro de famílias, respectivamente;

σ_d : desvio fenotípico de progênies.

No progresso esperado com seleção entre famílias, para o esquema III de seleção, Y é um descendente, pro

pagado vegetativamente, de um indivíduo (mãe) cujo valor fenotípico está contido em $\bar{X}_{j..}$. A progênie "j" é constituída de meio-irmãs, num total de "nr" indivíduos; um desses indivíduos é genotipicamente idêntico a Y; portanto, os demais são equivalentes a meio-irmãos. Os indivíduos das demais progênies não têm relação de parentesco com Y. Assim, tem-se:

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j..}) = \frac{1}{nr} \{ \text{Cov}(Y, X_{jlm}) + (nr - 1) \text{Cov}(MI) \}$$

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j..}) = 1/4 \sigma_A^2, \text{ para valores altos de "nr".}$$

No progresso esperado com seleção dentro de famílias, para o esquema III, tem-se

$$\text{Cov}(Y, X_{jlm}) = \sigma_A^2 + \sigma_D^2, \text{ para } Y = X_{jlm}$$

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j1.}) = \frac{1}{n} \{ \text{Cov}(Y, X_{jlm}) + (n-1) \text{Cov}(MI) \}$$

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j1.}) = 1/4 \sigma_A^2, \text{ para "n" suficientemente alto.}$$

Portanto,

$$\text{Cov}(Y, X_2) = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 - (1/4) \sigma_A^2 = (3/4) \sigma_A^2 + \sigma_D^2$$

$$\text{Cov}(Y, X_2) = (3/4) \sigma_A^2 + \sigma_D^2$$

Finalmente, a expressão do progresso esperado para o esquema III é de:

pagado vegetativamente, de um indivíduo (mãe) cujo valor fenotípico está contido em $\bar{X}_{j..}$. A progênie "j" é constituída de meio-irmãs, num total de "nr" indivíduos; um desses indivíduos é genotipicamente idêntico a Y; portanto, os demais são equivalentes a meio-irmãos. Os indivíduos das demais progênies não têm relação de parentesco com Y. Assim, tem-se:

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j..}) = \frac{1}{nr} \{ \text{Cov}(Y, X_{jlm}) + (nr - 1) \text{Cov}(MI) \}$$

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j..}) = 1/4 \sigma_A^2, \text{ para valores altos de "nr".}$$

No progresso esperado com seleção dentro de famílias, para o esquema III, tem-se

$$\text{Cov}(Y, X_{jlm}) = \sigma_A^2 + \sigma_D^2, \text{ para } Y = X_{jlm}$$

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j1.}) = \frac{1}{n} \{ \text{Cov}(Y, X_{jlm}) + (n-1) \text{Cov}(MI) \}$$

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j1.}) = 1/4 \sigma_A^2, \text{ para "n" suficientemente alto.}$$

Portanto,

$$\text{Cov}(Y, X_2) = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 - (1/4) \sigma_A^2 = (3/4) \sigma_A^2 + \sigma_D^2$$

$$\text{Cov}(Y, X_2) = (3/4) \sigma_A^2 + \sigma_D^2$$

Finalmente, a expressão do progresso esperado para o esquema III é de:

$$Gs_{(III)} = i_1 \frac{1/4 \sigma_A^2}{\sigma_F} + i_2 \frac{3/4 \sigma_A^2 + \sigma_D^2}{\sigma_d}$$

ou

$$Gs_{(III)} = Gs_{(II)} + i_2 \frac{\sigma_D^2}{\sigma_d}$$

sendo:

σ_D^2 : variância genética dominante.

Convém ressaltar que estas expressões, para o cálculo dos progressos esperados na seleção, são específicas quando se utiliza os citados esquemas de seleção.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1 encontram-se os valores dos quadrados médios ao nível de plantas, obtidos através da análise da variância do látice simples 8 x 8, para os dezesseis caracteres estudados. Observa-se que, para os caracteres espessura de casca, medida a 10, 15 e 25 centímetros do solo, e produção de borracha seca, houve diferenças estatísticas significativas entre progênies, indicando a existência de variabilidade genética para estes caracteres nesta população.

Nos três esquemas de seleção, os progressos esperados (Tabela 2) variaram consideravelmente entre os

caracteres. Para o caráter espessura de casca, avaliado em diferentes alturas, os progressos oscilaram entre 3,1% a 11,2%, no esquema I, e 3,4% a 13,0%, no esquema II, sobre a média original. Para o caráter diâmetro do caule, os progressos esperados oscilaram de 4,7% a 7,0% e 5,3% a 7,9%, nos esquemas I e II, respectivamente. O maior progresso obtido foi com seleção para a produção de borracha seca : 36,3% e 41,1%, nos esquemas I e II, respectivamente.

Os progressos esperados com seleção, utilizando-se o esquema III, foram representados em função dos valores obtidos no esquema II; o sinal de maior () seguido do progresso estimado neste esquema, é decorrente da impossibilidade de estimar, com estes dados, a magnitude da variância dominante, explorada pela seleção empregando o esquema III.

Esses esquemas de seleção visam obter o máximo de progresso por ciclo, tendo em vista que, em seringueira, são necessários de quatro e meio a cinco anos para se completar uma geração.

O primeiro esquema referiu-se à seleção de 20% das progênes de meio-irmãos e posteriormente à recombinação destas, eliminando-se as progênes inferiores. O emprego deste método de seleção possibilita a avaliação dos caracteres durante vários anos em cada ciclo de seleção, até o florescimento das plantas, obtendo-se com isto uma redução dos efeitos da interação com anos e um ganho genético tanto do lado feminino como do lado masculino. Assim é que, para os caracteres em estudo, obteve-se o maior progresso com seleção para o caráter produção de borracha seca (36,33%), decorrente da grande variabilidade genética do tipo aditiva detectada nesta população. Porém, tal resultado deve ser tomado com restrições, face a precisão ex

perimental na avaliação deste caráter ter sido baixa.

O segundo esquema de seleção constituiu - se da seleção de 20% das progênies de meio-irmãos, seguido da seleção massal de 20% das plantas dentro destas progênies e recombinação das melhores plantas. Observa-se pela Tabela 2 que o progresso esperado com seleção para o caráter produção de borracha seca, no esquema II, foi superior em mais de 5% em relação ao esquema I. Para os demais caracteres, a superioridade girou em torno de 1 a 2%. Esta superioridade era esperada, pois neste caso a seleção foi praticada em duas unidades, entre e dentro de progênies, e foi feita em ambos os sexos tanto em progênies como entre plantas dentro de progênies.

Em termos práticos, a única diferença do esquema II em relação ao esquema I é que no primeiro esquema houve necessidade de identificação das plantas superiores dentro das melhores progênies e eliminação das plantas inferiores, recombinando-se somente as superiores. Neste caso, outros aspectos importantes devem ser considerados, como o número de progênies avaliadas e a intensidade de seleção. O emprego de maior número de progênies no ensaio proporciona maior variabilidade genética, aumentando a probabilidade de ocorrência de progênies superiores, além de possibilitar a aplicação de intensidade de seleção mais forte; com isto, obtém-se um progresso maior e mais rápido, sem correr o risco de redução drástica do tamanho efetivo da população, o que comprometeria o progresso genético de ciclos mais avançados de seleção.

No terceiro esquema seletivo, efetuou-se a seleção de 20% das progênies de meio-irmãos e, dentro destas progênies, selecionou-se 20% das plantas superiores ;

posteriormente fez-se a multiplicação vegetativa dessas plantas. Este método de seleção diferencia-se do anterior porque neste caso não há necessidade de recombinação, com o que, conseqüentemente, um ciclo de seleção levaria menos tempo. Em contrapartida, no esquema anterior, a avaliação do material seria feita durante vários anos. Espera-se que neste esquema o progresso seja superior aos dois outros esquemas anteriores, em função da exploração da variância genética dominante existente entre plantas, pela multiplicação vegetativa do material.

A aplicação deste terceiro método de seleção seria mais recomendável a materiais que já foram melhorados e que necessitariam passar por nova seleção, isto porque a continuação de um novo ciclo de seleção, após obtenção de material de primeiro ciclo, resultaria na dissipação dos efeitos dominantes capitalizados na seleção entre plantas dentro de progênies. No caso de obtenção de ciclos consecutivos de seleção, em programas de melhoramento a longo prazo, seria mais recomendável a utilização do esquema II.

CONCLUSÕES

1. O maior progresso obtido com seleção aplicando-se o esquema I, entre os caracteres estudados, foi para o caráter produção de borracha seca (36,33%).

2. O progresso esperado com seleção, para o caráter produção de borracha seca no esquema II, foi superior em mais de 5% em relação ao esquema I. Para os demais caracteres, a superioridade girou em torno de 1% a 2%.

3. Entre os três esquemas de seleção estudados, constatou-se a viabilidade e a melhor eficiência do

esquema II em relação aos dois outros. Apesar de esperar-se maior progresso utilizando-se o esquema III, este torna-se restrito à seleção de material já melhorado e que necessita passar por novo crivo de seleção; além do mais, o seu uso é limitado a um ciclo de seleção.

LITERATURA CITADA

BRASIL. SUDHEVEA. Pesquisa e Experimentação com seringueira. Plano Nacional da Borracha. Rio de Janeiro, 1971 .
(Anexo XI).

COCHRAN, W.G. e COX, G.M. Experimental designs. 2 ed.
New York, John Wiley and Sons, 1957. 611 p.

MENDES, L.O.T. Poliploidização da seringueira: um novo teste para determinação da capacidade de produção de seringueiras jovens. Polímeros. São Paulo, 1 (1): 22-30 , 1971.

MIRANDA FILHO, J.B. Princípios de experimentação e análise. In: PATERNIANI, E. Melhoramento e Produção do Milho no Brasil. Piracicaba, ESALQ, 1978. Cap. XVI, p. 620 - 650.

SIQUEIRA, E.R. Estimativa de parâmetros genéticos de seringueira (Hevea sp) em condição de viveiro. Viçosa , UFV, 1978. 34 p. (Tese de Mestrado).

STEEL, R.G.D. e TORRIE, J.H. Principles and procedures of statistics. New York, McGraw Hill, 1960. 481 p.

VALOIS, A.C.C. Competição de clones de seringueira e predição de parâmetros genéticos. B. Téc. IPEAAOc, Manaus, (4): 1-9, 1974.

VALOIS, A.C.C. e PAIVA, J.R. Herdabilidade do tamanho de sementes de seringueira (*Hevea* sp). Semente, 2 (2): 3-7, 1976.

VALOIS, A.C.C.; PINHEIRO, E.; CONCEIÇÃO, H.E.O. e SILVA, M.N.C. Competição de porta-enxertos de seringueira (*Hevea* sp) e estimativas de parâmetros genéticos. Pesq. Agropec. Bras., Brasília, 13 (2):49-54, 1978.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W.E. Melhoramento e Genética. São Paulo, Melhoramentos, 1969. p. 17-38.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. Melhoramento e produção do milho no Brasil. Piracicaba, ESALQ, 1978. Cap. V, p. 122-201.

Tabela 1 - Valores e significâncias dos quadrados médios, obtidos nas análises de variância a/ do látice simples 8 x 8, para diâmetro do caule, espessura de casca, altura de planta, produção, número de lançamento e tamanho de lançamento de progênies de meio-irmãos de seringueira. Manaus (AM), 1976/77.

F.V.	G.L.	DC - 5 (x10 ⁻²)	DC - 10 (x10 ⁻²)	DC - 15 (x10 ⁻²)	DC - 20 (x10 ⁻²)	DC - 25 (x10 ⁻²)	DC - 30 (x10 ⁻²)
Progênies	63	12,8483 ^{ns}	11,8755 ^{ns}	11,1162 ^{ns}	9,4445 ^{ns}	9,0358 ^{ns}	8,4692 ^{ns}
Erro	49	9,9124	8,8748	8,5478	7,7272	7,5487	9,0632
Dentro	1152	43,8332	40,7910	37,8149	34,8141	31,3657	28,2615
CV (%)		11,9	12,0	12,5	12,7	13,2	15,6

F.V.	G.L.	EC - 5 (x10 ⁻²)	EC - 10 (x10 ⁻²)	EC - 15 (x10 ⁻²)	EC - 20 (x10 ⁻²)	EC - 25 (x10 ⁻²)	EC - 30 (x10 ⁻²)
Progênies	63	3,1638 ^{ns}	3,7867 [*]	3,8387 [*]	3,2794 ^{ns}	3,3023 [*]	3,0227 ^{ns}
Erro	49	2,6747	2,0415	2,4310	2,1990	2,0254	2,0140
Dentro	1152	12,7786	11,8502	11,7283	11,3919	11,1480	9,9967
CV (%)		9,3	9,0	10,7	11,0	11,2	12,1

F.V.	G.L.	AP (x10 ²)	P (x10 ²)	NLb/ (x10 ²)	TL (x10 ²)
Progênies	63	6,3081 ^{ns}	2,0143 [*]	1,6143 ^{ns}	4,9182 ^{ns}
Erro	49	6,0176	1,2536	1,4102	6,8244
Dentro	1152	22,1324	6,9107	4,3515	20,1394
CV (%)		12,9	38,3	3,7	14,5

a/ - Somas de quadrados obtidos com médias de parcelas, exceto SQ(Dentro), obtidas com dados de plantas individuais.

b/ - dados transformados p/ \sqrt{x} ;

* - significativo ao nível de 5% de probabilidade;

ns - não significativo.

Tabela 2 - Progressos esperados com seleção direta, por geração, em porcentagem das médias dos caracteres e em unidade das médias, considerando três esquemas seletivos para espessura de casca, diâmetro do caule, produção, altura de planta e número de lançamentos de progênies de meio-irmãos de seringueira. Manaus (AM), 1976/77.

CARÁTER	UNID.	\bar{X}_0	ESQUEMA I		ESQUEMA II		ESQUEMA III	
			Gs	Gs(%)	Gs	Gs(%)	GS	Gs(%)
EC - 5	mm	1,755	0,054	3,10	0,059	3,35	0,059	3,35
EC - 10	mm	1,587	0,177	11,19	0,206	12,98	0,206	12,98
EC - 15	mm	1,454	0,142	9,78	0,166	11,42	0,166	11,42
EC - 20	mm	1,344	0,118	8,78	0,133	9,89	0,133	9,89
EC - 25	mm	1,265	0,139	10,99	0,158	12,48	0,158	12,48
EC - 30	mm	1,177	0,115	9,76	0,131	11,14	0,131	11,14
DC - 5	mm	2,654	0,162	6,11	0,183	6,91	0,183	6,91
DC - 10	cm	2,481	0,172	6,95	0,195	7,85	0,195	7,85
DC - 15	cm	2,330	0,152	6,54	0,173	7,41	0,173	7,41
DC - 20	cm	2,183	0,111	5,07	0,122	5,61	0,122	5,61
DC - 25	cm	2,073	0,098	4,72	0,110	5,32	0,110	5,32
P	mg	29,201	10,610	36,33	11,989	41,06	11,989	41,06
AP	cm	189,540	2,289	1,21	2,571	1,36	2,571	1,36
NL	unid.	10,482	0,032	0,98	0,038	1,19	0,038	1,19

- I : seleção entre progênies de meio-irmãos (20%), com recombinação das melhores mães;
 II : seleção entre e dentro de progênies de meio-irmãos (20%), com recombinação das melhores plantas dentro das melhores progênies;
 III : seleção entre e dentro de progênies de meio-irmãos e propagação vegetativa das melhores plantas dentro das melhores progênies;
 \bar{X}_0 : média da população original.