

ANTONIO MARCOS ROSADO

SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS E BASEADA NOS
VALORES GENÉTICOS OBTIDOS PELO ÍNDICE COMBINADO E
BLUP EM EUCALIPTO

Tese apresentada à Universidade
Federal de Viçosa, como parte das
exigências do Programa de Pós
graduação em Genética e
Melhoramento, para obtenção do título
de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2003

ANTONIO MARCOS ROSADO

SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS E BASEADA NOS
VALORES GENÉTICOS OBTIDOS PELO ÍNDICE COMBINADO E
BLUP EM EUCALIPTO

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA EM: 30 de julho de 2003.

Prof. Aloisio Xavier
(Conselheiro)

Prof. Pedro Crescêncio Souza Carneiro
(Conselheiro)

Prof. José Ivo

Prof. José Jonas

Prof. Cosme Damião Cruz
(Orientador)

A Deus

Aos meus pais Dimas e Raimunda

Aos meus irmãos Valmir e Tatiana

A minha esposa Maria Rita

AGRADECIMENTOS

A minha família, por me prepararem para a vida com muito amor e garra.

Ao professor Comes Damião Cruz, pela amizade, presença constante em todos os momentos decisivos, pela orientação neste trabalho, pelo encorajamento e incentivo aos estudos desde a infância.

Ao professor Ismael Eleotério Pires, pela amizade, pelo estímulo, pelos sábios conselhos que fortaleceram a minha escolha na Profissão de Geneticista e principalmente por caminhar junto desde a graduação

Aos professores: Pedro Crecêncio Souza Carneiro; Aloísio Xavier; José Ivo; e José Jonas; que participaram da banca de tese dando valiosas sugestões e pelas colaborações oferecidas.

À Universidade Federal de Viçosa, pelas oportunidades.

À CAPES pelo auxílio financeiro.

À Celulose Nipo Brasileira (CENIBRA), pela parceria e concessão dos dados.

Aos funcionários da Secretaria de Genética: Rita, Conceição e Paulo, pela amizade, convívio e apoio ao longo do todo o curso.

Aos meus amigos pela convivência, apoio e incentivo.

A minha esposa Maria Rita, pelo amor, companheirismo e apoio em todos os momentos.

BIOGRAFIA

Antonio Marcos Rosado, filho de Raimunda Barbosa Rosado e Antonio Dimas Silva Rosado, nasceu em Viçosa, Minas Gerais, no dia 30 de janeiro de 1974.

Em janeiro de 1992, recebeu o título de técnico em agropecuária na Central de Ensino e Desenvolvimento Agrário de Florestal (CEDAF) - Florestal – MG.

Em dezembro de 1997, graduou-se em Engenharia Florestal pela Universidade Federal de Viçosa.

Em julho de 2000, obteve o título de “Magister Scientiae” em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal de Viçosa. Iniciando em agosto de 2000 o curso de doutoramento em Genética e Melhoramento nesta mesma Universidade.

Em 21 de julho de 2002, iniciou suas atividades profissionais como pesquisador na área de melhoramento florestal na empresa CENIBRA (Celulose Nipo Brasileira).

Defendeu tese para obtenção do título de “Doctor Scientiae”, em 31 de julho de 2003.

CONTEÚDO

	Página
RESUMO.....	viii
ABSTRACT.....	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	6
2.1. Melhoramento genético florestal	6
2.2. Melhoramento genético de <i>Eucalyptus spp</i>	7
2.3. Métodos de melhoramento	9
2.4. Parâmetros genéticos.....	11
2.5. Métodos de estimação de componentes de variância.....	13
2.6. Ganhos por seleção	14
2.6.1. Seleção entre e dentro	16
2.6.2. Seleção combinada	19
2.6.3. Seleção baseada nos valores obtidos pelo BLUP	24
2.6.3.2. Método da máxima verossimilhança restrita - REML ...	24
2.6.3.3. Melhor preditor linear não-viesado – BLUP	28

3. MATERIAL E MÉTODOS	31
3.1. Material	31
3.2. Análise de variância	32
3.3. Estimacão de parâmetros genéticos	35
3.3.1. Componentes de variâncias	35
3.3.2. Coeficientes de herdabilidade e de variação	36
3.3.3. Estimacão das correlações genética entre os caracteres	38
3.4. Progresso com seleçao	38
3.4.1. Seleçao entre e dentro – direta e indireta	39
3.4.2. Seleçao combinada	40
3.4.3. Seleçao baseada nos valores genéticos obtidos pelo BLUP	43
3.4.3.1. Equaçoes de modelos mistos	43
3.4.3.2. Estimacão dos componentes de variância e outros parâmetros genéticos.....	45
4. RESULTADO E DISCUSSÃO	46
4.1. Análise de variância	46
4.2. Estimativas dos parâmetros genéticos	47
4.2.1. Estimativas das variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais	47
4.2.2. Estimativas dos coeficientes de variação	49
4.2.3. Estimativas de herdabilidade	50
4.2.4. Estimativas das correlaçoes genotípicas entre os caracteres	52
4.3. Seleçao entre e dentro – direta e indireta	53
4.4. Seleçao combinada	56

4.5. Seleção pelo procedimento REML/BLUP	61
4.5.1. Estimativa dos parâmetros genéticos	61
4.5.1.1. Estimativas das variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais	61
4.5.1.2. Estimativas de herdabilidade	62
4.5.2. Seleção pelo BLUP Individual	63
5. CONCLUSÕES	68
6. REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA	70

RESUMO

ROSADO, Antonio Marcos., D. S. Universidade Federal de Viçosa, julho de 2003. **Seleção entre e dentro de famílias e baseada nos valores genéticos obtidos pelo índice combinado e BLUP em eucalipto.** Orientador: Cosme Damião Cruz. Conselheiros: Aloisio Xavier, Ismael Eleotério Pires e Pedro Crescêncio de Souza Carneiro.

Com o propósito de comparar os ganhos preditos e indicar um procedimento para determinação dos mesmos, para as características: diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume total com casca (VOL), em famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla*, o presente trabalho foi desenvolvido utilizando seleção convencional entre e dentro, direta e indireta, seleção combinada utilizando o índice de seleção proposto por PIRES (1996), e seleção baseada em modelos mistos (REML/BLUP). Os dados utilizados foram obtidos em um teste de progênie constituído de 100 famílias de meios-irmãos, com 55 meses de idade, instalado em área da CENIBRA, na região de Sabinópolis-MG, em espaçamento de 3x2m, em delineamento de blocos ao acaso, com parcelas de 8 plantas em fileiras e 5 repetições. Com base nas análises realizadas, observou-se que as características estudadas (DAP, ALT e VOL), exibiram variabilidade genética significativa, e todas apresentaram médias dentro dos padrões compatíveis com a espécie em

questão e outras amplamente utilizadas em programas de melhoramento florestal no Brasil. Os valores de herdabilidade em nível de médias de família foram bem próximos para as características estudadas, apresentando valores entre famílias de 0,60 a 0,63, e dentro de famílias entre 0,15 e 0,20, e pelo REML/BLUP os valores entre famílias foram de 0,64 a 0,72, e dentro de famílias entre 0,18 e 0,26, ambas superiores aos valores encontrados para seleção entre e dentro. A seleção entre médias de famílias proporcionou ganhos diretos que variaram de 3,67 para ALT a 12,67 para VOL e indiretos que variaram de 3,91, quando a seleção foi em ALT e a resposta em DAP, a 5,29, quando a seleção foi sobre VOL e o ganho em DAP. E a seleção dentro de família, produziu ganhos diretos, que variaram de 2,23 para ALT a 9,17 para VOL, e indiretos que variaram de 2,39 para seleção em ALT e ganho em DAP, a 4,24 para seleção em VOL e ganho em DAP. Para ganhos totais obteve-se melhores resultados quando a seleção foi direta sobre VOL, confirmando ser a característica silvicultural mais apropriada para seleção, tanto para se obter ganhos diretos sobre ela quanto indiretos sobre as outras características estudadas. A seleção combinada utilizando o índice proposto por PIRES (1996) proporcionou ganhos que variaram de 7,88 para ALT a 29,91 para VOL, sendo ambos os ganhos muito superiores aos obtidos com a seleção entre e dentro; e para o procedimento BLUP/REML encontrou-se ganhos da ordem de 5,46 para DAP, 4,93 para ALT e 17,32 para VOL. Assim conclui-se que para ganhos totais obteve-se melhores resultados quando a seleção foi direta sobre VOL, confirmando ser a característica silvicultural mais apropriada para seleção tanto para se obter ganhos diretos sobre ela quanto indiretos sobre as outras características estudadas. A seleção entre e dentro oferece estimativas precisas, porém quando a seleção combinada ou o REML/BLUP são utilizados, considerando o desbalanceamento dos dados, os ganhos são significativamente maiores do que os obtidos pela seleção entre e dentro, mostrando alta eficiência na escolha de melhores indivíduos dentro da população e equivalência nos resultados.

ABSTRACT

ROSADO, Antonio Marcos., Universidade Federal de Viçosa, July, 2003.
Selection among and inside families and based in the genetic values obtained by the combined level and BLUP in *Eucalyptus* Adviser:
Cosme Damião Cruz. Committee Members: Aloisio Xavier, Ismael Eleotério Pires e Pedro Crescêncio de Souza Carneiro.

Aiming to compare predict gains and indicate a procedure to its determination, to those characteristics: diameter at breast height (DAP), total height (ALT), bark total volume (VOL), in families of half-brothers of *Eucalyptus urophylla*, this report was developed using conventional selection among and inside, direct and indirect, combined selection using selection level presented by PIRES (1996) and selection based in mixed models (REML/BLUP). The data used were obtained in a progeny test of 100 families of half-brothers, with 55 months old, mounted in CENIBRA area in the region of SA – MG, with spacing of 3x2 meters, in layout of randomized blocks, with plots of 8 plants in line and 5 repetition. Based in the analysis, it is seen that the studied characteristics (DAP, ALT and VOL), showed up significative genetic variation, and all of them indicated average among compatible standards with the spoken specie and others used a lot in forestry improvement programs in Brazil. The heredability

values in level of families average were closed to the researched characteristics, showing values among families from 0,60 to 0,63 and inside of families from 0,15 to 0,20, and for REML/BLUP the values among families varied from 0,64 to 0,72, and inside families from 0,18 to 0,26, both above the values found for selection among and inside. The selection among families' average presented direct gains which varies from 3,67 for ALT to 12,67 for VOL and indirect which varies form 3,91, when selection was in ALT and the answer in DAP, to 5,29 when selection was about VOL and the gain in DAP. And the selection inside of the family produced direct gains , which varies from 2,23 for ALT to 9,17 for VOL, and indirect which varies form 2.39 for selection in ALT and gain in DAP. Better results for total gains were achieved when selection was direct about VOL confirming to be a silvicultural characteristic more suitable for selection, as to obtain direct gains about it as indirect about other studied characteristics. The combined selection using the level presented by PIRES (1996) provided gains which varies from 7,88 for ALT to 29,91 for VOL, being both gains a lot higher than those obtained with the selection among and inside and for the procedure BLUP/REML it was obtained gain values from 5,46 for DAP 4,93 for alt and 17,32 for VOL. It is able to conduct that for total gains better results were obtained when the selection was direct about VOL, confirming to be the silvicultural characteristic more suitable for selection as to obtain direct gains about it as indirect about other researched characteristics. The selection among and inside offered precise estimates, however when combined selection or the REML/BLUP are used, considering the unbalance of the data, the gains are significantly higher than those obtained by the selection among and inside, showing a higher efficiency in the choice of better individuals inside the population and equivalence in the results.

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento genético de *Eucalyptus* tem mostrado grandes avanços nas últimas décadas, os quais são apontados pelo aumento substancial na produtividade das plantações. O nível dos trabalhos científicos e técnicos na área também espelham os avanços conseguidos, fato este reconhecido internacionalmente.

Durante muito tempo os esforços do melhoramento florestal consistiram, então, numa primeira fase, na identificação de espécies de *eucalyptus* adaptada às condições ecológicas de interesse, já numa segunda etapa, na seleção massal inter e intrapopulacional, contribuindo sobremaneira para elevação da produtividade das florestas plantadas. Contudo, alguns programas mais elaborados, envolvendo testes de progênies de polinização livre, começaram a ser utilizados para aquelas espécies já definidas, como *E. grandis* e *E. urophylla*, requerendo maiores cuidados por parte dos melhoristas na utilização de métodos de seleção que permitam explorar mais eficientemente os materiais genéticos disponíveis.

Ênfase tem sido dada à seleção direta na idade de corte, assim como na seleção precoce, entre as idades de dois e quatro anos, apoiando-se na existência de correlação entre idades jovens e adultas, preocupando-se muitas vezes com a inclusão de uma série de características nos critérios de seleção.

Nesse sentido, deve-se destacar, em primeiro lugar, que a seleção direta na idade de corte, em especial para uma única característica, é a forma mais eficiente, de maneira geral, para se obter ganho. Entretanto, como na maioria das vezes o interesse recai sobre várias características simultaneamente e pelo fato de se estar trabalhando com uma cultura de ciclo relativamente longo, constata-se a importância da escolha de método eficiente de seleção.

Nos programas de melhoramento de gerações avançadas, percebe-se uma grande preocupação com os delineamentos experimentais e esquemas de cruzamentos, adotando-se procedimentos às vezes mais elaborados, como os dialelos fatoriais e hierárquicos, quando na verdade, conforme destacam COTTERILL e DEAN (1990), nos casos em que os recursos financeiros, a mão de obra especializada e a infra-estrutura de apoio são escassos, as estratégias mais simples de cruzamentos devem ser recomendadas, concentrando os esforços no encurtamento das gerações e na eficiência da seleção.

Existem diversos métodos de seleção, rotineiramente empregados no melhoramento de culturas agrícolas e no melhoramento animal, que vêm sendo adaptados ao melhoramento florestal, como seleção truncada, que considera uma característica por geração; seleção em tadem, seleção com base nos níveis mínimos (ou máximos) de eliminação, que permite selecionar mais de uma característica por geração, a diferentes idades; e índice de seleção, que permite a seleção simultânea para várias características, levando-se em conta seus respectivos pesos econômicos, entre outras.

COTTERILL e DEAN (1990) enfatizou que critério de seleção com base no índice é superior a qualquer dos outros, independente do esquema de cruzamento. Estes autores argumentam, ainda, que a adoção da seleção entre e dentro de famílias, como alternativa para explorar mais eficientemente os

valores genéticos, pode tornar-se mais efetiva quando se faz uso do índice de seleção combinada.

No melhoramento de plantas tem sido comum o uso de análise baseada em modelo fixo para estimação de médias de tratamentos (ex: genótipo), mesmo quando estes foram obtidos por amostragem numa população. Isto é, em situações em que o modelo é tipicamente misto, pois inclui, além de efeitos fixos (ex: blocos), os efeitos aleatórios dos genótipos. Em boa parte dos casos, a modelagem mista é utilizada, com o rigor da suposição, apenas para a estimação de componentes de variância e para a construção dos testes F apropriados na análise da variância.

Muitas das vezes, entre as razões que levam os melhoristas práticos a não utilizarem predições baseadas em modelos mistos estão a falta de vivência com estes métodos e a sua pequena divulgação (BUENO FILHO, 1997). Acrescenta-se que os efeitos prejudiciais da abordagem tradicional normalmente são tidos como mínimos, a ponto de não recompensar os esforços com a adoção da nova metodologia. Sabe-se que a ordem de classificação dos genótipos, em geral, não se altera no caso de ensaios que seguem delineamentos ortogonais e balanceados. Assim, a estimação de médias admitindo-se modelo fixo, quando na verdade o modelo é misto, não modificaria o resultado final da seleção.

Por outro lado, a ocorrência de desbalanceamento não planejado, decorrente da perda de parcelas, é um fato normal nesse tipo de experimentação. Ademais, nas fases preliminares do processo seletivo, quando os genótipos são numerosos e ainda possuem natureza aleatória (PIEPHO, 1994), é comum o uso de delineamentos não ortogonais com BIB (blocos incompletos balanceados) e PBIB (blocos incompletos parcialmente balanceados). Também tem ganhado aplicação crescente os delineamentos aumentados, os quais, por construção são desbalanceados e não ortogonais.

Nestes casos, a possibilidade de classificações genotípicas diferenciadas entre as duas abordagens analíticas é uma realidade. Acredita-se assim, que optar-se pela conveniência da suposição de um fator como fixo ou aleatório pode estar longe de ser prática inofensiva (BUENO FILHO, 1997).

Atualmente, a metodologia de modelos mistos tem-se tornada mais acessível aos usuários graças à sua implementação em sistemas estatísticos-computacionais. Logo, a sua aplicação é perfeitamente exequível sempre que o modelo subjacente aos dados for de tal natureza. Neste caso, covariâncias biologicamente conhecidas (ex: genótipos relacionados por origem e ou parentesco) passam a ser levadas em conta não só nos testes estatísticos, mas também na estimação e predição de efeitos de implicação direta no ordenamento e na seleção dos genótipos.

No melhoramento de *Eucalyptus*, essas técnicas de avaliação genética desempenham papel fundamental, pois permitem a predição dos valores genéticos e valores genotípicos das árvores. Atualmente alguns pesquisadores consideram que o procedimento ótimo de predição de valores genéticos é o BLUP (melhor predição linear não viesada). Alguns trabalhos mostram que para o caso balanceado, os preditores BLUP equivalem aos índices de seleção multi-efeitos, os quais envolvem todos os efeitos aleatórios do modelo estatístico associado às observações fenotípicas. Para a predição usando BLUP ou os índices multi-efeitos são necessárias estimativas dos componentes de variância (parâmetros genéticos), cujo método padrão de estimação é o da máxima verossimilhança restrita (REML).

Assim, o presente trabalho teve como objetivos, num primeiro momento, estimar os parâmetros genéticos e as correlações genotípicas entre os caracteres, buscando conhecer a estrutura genética da população e o potencial da mesma para melhoramento; para finalmente comparar os ganhos preditos para alguns caracteres silviculturais, utilizando diferentes critérios de seleção, em famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla*, visando indicar aquele que melhor se aplique ao melhoramento genético florestal, em especial de *Eucalyptus*. Foram estudados os seguintes critérios de seleção:

- Seleção convencional entre e dentro de famílias direta e indireta;
- Índice de seleção combinada, alternativa proposta por PIRES (1996), que considera o valor da família e o desvio do indivíduo em relação à média do bloco onde ele se encontra;

- Seleção pela metodologia de modelos mistos que envolve a estimação de componentes de variância pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição de valores genéticos pelo procedimento da melhor predição linear não viesada (BLUP).

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Melhoramento genético florestal

O melhoramento genético de espécies florestais é ciência relativamente nova, tendo experimentado maiores desenvolvimentos a partir de 1950, e as primeiras espécies a serem melhoradas em larga escala foram provavelmente *Pinus elliottii* e *Pinus taeda*, nos Estados Unidos, e *Acácia mearnsii* (acácia-negra), na África do Sul. No Brasil, o melhoramento florestal apresentou maiores desenvolvimentos a partir de 1967, com a implantação da lei dos incentivos fiscais ao reflorestamento, o que contribuiu muito para a silvicultura intensiva no País (RESENDE, 1999).

O melhoramento florestal é atualmente uma atividade regular tanto para empresas privadas quanto para órgãos governamentais que atuam no setor. O objetivo básico do melhoramento florestal é garantir o aumento da produtividade e da qualidade da madeira a cada ciclo de seleção, sem com isso comprometer a base genética da população. Desta forma, cabe ao melhorista florestal definir os materiais adequados às condições ecológicas de cada região, em consonância com as finalidades de utilização da matéria-prima.

O melhorista tem o compromisso de promover o desenvolvimento de um programa de melhoramento contínuo do material básico definido, por meio

de técnicas e métodos disponíveis, em conformidade com as exigências básicas da fonte consumidora da matéria-prima a ser produzida, ou ainda, o objetivo básico de um programa de melhoramento é definir e, posteriormente, criar uma fonte segura de abastecimento de material reprodutivo (semente e, ou, propágulos) com superioridade para as características de interesses.

Para planejar eficientemente um programa de melhoramento genético florestal, devem-se conhecer, entre diversos outros fatores, os possíveis métodos de melhoramento e ter alguns meios de comparação do progresso que se pode esperar com a aplicação de cada um. Não existe uma estratégia que possa ser recomendada, indistintamente, para todos os programas de melhoramento. A escolha depende de uma série de fatores, como por exemplo: limitações das espécies; disponibilidade de recursos financeiros, materiais e de pessoal; objetivo do programa; tamanho do programa e atividades requeridas etc.

Segundo RAMALHO (1993), pode-se notar que diversos aspectos apontam para o sucesso do melhoramento genético florestal, especialmente as espécies do gênero *Eucalyptus*, no Brasil. Entre estes estão: a) a boa adaptação do germoplasma disponível; b) as características biológicas, isto é, uma planta alógama, com grande produção de sementes; c) os cruzamentos artificiais, até certo ponto fáceis de serem realizados; e d) uma propagação vegetativa viável. Aliado a estes fatos, ainda inclui o crescente aumento da demanda de madeira para atender às mais variadas finalidades .

2.2. Melhoramento genético de *Eucalyptus spp.*

As espécies do gênero *Eucalyptus* são predominantemente alógamas, havendo entretanto, alto grau de compatibilidade nos cruzamentos interespecíficos, dentro de cada subgênero os quais ocorrem facilmente por polinização livre, gerando descendentes férteis. Desta forma, os programas de melhoramento genético têm trilhado dois caminhos: o de melhoramento das espécies puras, do ponto de vista tipológico, evitando-se portanto, interferência de pólenes de outras espécies, e a exploração de híbridos interespecíficos.

Considerando o melhoramento de espécies “puras”, os problemas básicos dos programas de melhoramento de *Eucalyptus* são: a definição da espécie e das populações a serem utilizadas, a determinação da natureza e das causas da variabilidade, a definição dos métodos para reunir os caracteres desejáveis nos indivíduos melhorados, a produção de material reprodutivo em escala comercial e a manutenção da base genética para garantir o futuro dos programas. Entretanto, deve-se ressaltar o fato de se estar manipulando materiais ainda no estágio silvestre, pois estes foram provenientes das populações naturais de *Eucalyptus* da Austrália, em sua maioria. Por esta razão, ganhos significativos foram até agora obtidos com pequeno esforço de seleção, trabalhando-se com materiais selecionados em nível de espécies e procedências, com tendência dos melhoristas partir para o refinamento dos delineamentos genéticos. Contudo, COTTERILL e DEAN (1990) salientam que não se deve perder de vista a eficiência da seleção, por meio dos esquemas mais simples de cruzamento.

Os principais programas de melhoramento de *Eucalyptus* conduzidos no Brasil, até fins da década de 80, basearam-se fundamentalmente na introdução e seleção de espécie/procedências, com ênfase na seleção entre populações dentro de espécies, culminando nos dias atuais com a seleção dentro de populações, para aquelas espécies mais definidas, como é o caso de *E. urophylla* e *E. grandis*. Este procedimento se justifica, tendo em vista a alta variabilidade natural exibida pelas espécies, em que a seleção intensa de árvores fenotipicamente superiores torna-se eficiente.

Os programas de melhoramento genético florestal podem assim ser conduzidos, conforme ELDRIDGE et al. (1993), na seguinte ordem: população-base, população de melhoramento, população de propagação e população de produção, tendo como instrumento de avaliação genotípica os testes de progênies.

Os testes de progênies que envolvem famílias de polinização livre são amplamente utilizados, dado o seu baixo custo e informações fornecidas, assim como a possibilidade de serem transformados em pomares produtores de sementes por mudas. Dentre as principais informações obtidas nos testes de

progênies, destacam-se a estimação dos parâmetros populacionais, como variâncias genéticas e fenotípicas, herdabilidades, correlações genéticas e fenotípicas e de ambiente; e, principalmente, a possibilidade da previsão de ganhos por seleção, constituindo portanto, uma das principais ferramentas empregadas atualmente no melhoramento do *Eucalyptus*. Seu manuseio e os métodos de seleção vão depender do material genético envolvido e das estratégias de condução do programa de melhoramento, lembrando que o progresso com a seleção só será possível para aquelas características que exibem variabilidades genéticas. Fato este que o gênero *Eucalyptus* ainda leva vantagens pois diversos trabalhos já desenvolvidos com diversas espécies mostram as possibilidades de progressos com seleção para as várias características de interesses econômicos.

Pode-se dizer que as condições básicas para que qualquer programa de melhoramento genético obtenha sucesso é a existência de variabilidade genética na população, associada à média alta, permitindo a seleção de genótipos superiores e possibilitando o incremento da freqüência de genes favoráveis. Além disso, métodos que permitam identificar genótipos realmente superiores são imprescindíveis.

2.3. Métodos de melhoramento

HIGA et al. (1992), discorrendo sobre programas de melhoramento genético de *Eucalyptus* no Brasil, ressaltam que estes, em geral, envolvem sucessivos ciclos (gerações), compostos de um conjunto de atividades e tipos de populações, e visam o aumento da produtividade por unidade de área. Também, RAMALHO (1993) aponta que, em virtude do grande número de genes envolvidos no controle da maioria dos caracteres de importância econômica, os objetivos do melhoramento só serão conseguidos por etapas, isto é, por ciclos sucessivos de seleção (seleção recorrente).

Entretanto, há de se considerar que a seleção recorrente nos programas tradicionais de melhoramento, com um aumento gradativo da

intensidade de seleção, reduz o tamanho efetivo da população, podendo levar ao estreitamento da base genética (KIKUTI, 1988).

No Brasil, um método de seleção muito utilizado em espécies florestais é o método denominado “níveis independentes de seleção”, que é baseado no estabelecimento de um nível mínimo (ou máximo) para cada característica, e todos os indivíduos abaixo (ou acima) desse nível são descartados, sem considerar a sua superioridade ou inferioridade em outras características. Porém tal método é mais indicado para os casos em que as correlações genéticas entre as características de interesse para a seleção sejam significativas e em sentido favorável.

Entretanto, tem sido verificada uma tendência de se usar índice de seleção nos programas de melhoramento mais avançados, conforme preconizado por COTTERILL e DEAN (1990) e PIRES (1996).

O que tem-se observado, de modo geral, é o estabelecimento de estratégias de melhoramento, que conciliam ganho genético e manutenção da base genética da população, para suportar os programas de melhoramento nas gerações avançadas.

Outro método de melhoramento que vem se destacando no setor florestal refere-se aos programas de hibridação, dado principalmente, à existência de considerável divergência genética entre espécies e entre procedências de espécies de *Eucalyptus*, aliada à dominância gênica para determinados caracteres.

Atualmente a hibridação entre espécies e a posterior seleção clonal de híbridos superiores nas progênies têm sido práticas comuns no melhoramento genético de *Eucalyptus*, visando o melhoramento contínuo dos híbridos no decorrer das gerações.

Os programas de hibridação têm sido estabelecidos principalmente em locais onde as espécies tradicionalmente utilizadas apresentam bom crescimento e, associado ao desenvolvimento de técnicas de propagação vegetativa, têm se formado florestas onde se podem obter ganhos substanciais na qualidade e produtividade.

Em referência à propagação vegetativa, esta tem sido utilizada amplamente no melhoramento para estabelecimento de bancos e pomares de sementes clonais, propagação de híbridos e, ainda, para propagação de plantios selecionados em larga escala, ou seja, a propagação vegetativa tem sido utilizada, basicamente, para duas diferentes finalidades: a) como instrumento para o melhoramento, possibilitando a conservação genética (banco clonal), a instalação de pomar clonal, a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e as pesquisas em fisiologia e patologia; e b) para difusão de progresso genético, por meio de multiplicação massal de famílias ou indivíduos superiores. Desta forma, o que se procura nos programas de melhoramento, com base em métodos assexuados (propagação vegetativa), é a obtenção de ganhos genéticos máximos numa única geração, utilizando todos os níveis de variabilidade entre e dentro das espécies.

2.4. Parâmetros genéticos

A existência de variações quantitativas em muitas características de interesse no melhoramento florestal é de grande importância para o melhorista, pois o conhecimento de sua magnitude é fundamental para que possam ser avaliados a viabilidade e o êxito de programas de melhoramento.

Já é de conhecimento geral que as estimativas de parâmetros genéticos possibilitam a obtenção de informações sobre os ganhos com estratégias alternativas para o melhoramento genético, proporcionam o conhecimento da natureza da ação gênica envolvida na herança dos caracteres estudados, estabelecem as bases para a definição dos programas de melhoramento da população e direcionam novos enfoques nos programas.

Essas estimativas são necessárias para uma seleção eficiente de árvores, particularmente em gerações avançadas, além de possibilitar o conhecimento da estrutura genética da população. Mas os parâmetros genéticos só se aplicam a uma população, na idade observada e nas condições ambientais reinantes para as mesmas, uma vez que em espécies florestais,

diversos genes agem diferentemente nos vários estádios de desenvolvimento da planta (PIRES, 1984; KIKUTI, 1988).

O método mais utilizado, para a estimação de parâmetros genéticos, envolve o agrupamento dos indivíduos de acordo com o grau de parentesco entre si, a obtenção de componentes observacionais de variância e covariância (fenotípica) e a partição dos componentes observacionais em componentes causais, ou seja, variância e covariância relacionadas aos efeitos genéticos aditivos, efeitos genéticos de dominância e de epistasia e efeitos ambientais permanentes e temporários.

Dentre estes parâmetros genéticos, a herdabilidade e a correlação genética são as principais estimativas de interesse para o planejamento de um programa de melhoramento.

A correlação entre caracteres avalia o grau de associação entre estes. O seu valor é importante no melhoramento de plantas porque permite conhecer a influência que a seleção em uma característica terá sobre outras, por vezes aparentemente independentes. O pleiotropismo é a causa permanente da correlação genética e o desequilíbrio provocado por ligações genéticas é causa temporária (FALCONER, 1987).

O coeficiente de correlação é uma medida de relação linear entre duas variáveis, ou, ainda, mede a intensidade de associação que expressa a mudança em uma variável, sempre que existir mudança constante em outra variável (STEEL et al., 1997). Esse coeficiente varia de -1 a $+1$. É positivo quando ocorre aumento nas duas variáveis, e negativo, quando uma aumenta e outra diminui. É necessário que se tenha atenção na interpretação das correlações, pois correlações positivas ou correlações negativas não são sinônimas de correlações favoráveis ou de correlações desfavoráveis ao melhoramento, respectivamente. Deve-se estar atento para as características que estão sendo relacionadas, pois nem sempre o que é maior é melhor.

Segundo FALCONER (1989), a correlação que pode ser diretamente mensurada entre dois caracteres, em determinado número de indivíduos que representam a população, é denominada correlação fenotípica. É necessário distinguir duas causas nessa correlação: a genética e a ambiental. Somente a

correlação genética envolve associações de natureza herdável e, por conseguinte de real interesse num programa de melhoramento.

A correlação fenotípica é a que pode ser mensurada diretamente a partir de medidas de duas características, em certo número de indivíduos na população. Esta correlação tem causas genéticas e ambientais, porém só as genéticas devem ser utilizadas na orientação dos programas de melhoramento. Assim, em estudos genéticos, é indispensável distinguir e quantificar o grau de associação genética e ambiental entre as características.

A herdabilidade de determinada característica, considerada como a pedra fundamental dos programas de melhoramento genético, é definida como a porção da variação fenotípica total, causada pela variação dos valores genéticos aditivos.

2.5. Métodos de estimação de componentes de variância

Diversas metodologias têm sido sugeridas para a estimação das variâncias e covariâncias, as quais são requeridas para a predição dos valores genéticos pela metodologia de modelos mistos. Dentre eles, citam-se os Métodos I, II e III, de Henderson (HENDERSON, 1953), o da Máxima Verossimilhança (Maximum Likelihood - ML) (HARTLEY e RAO, 1967) e o da Máxima Verossimilhança Restrita (Restricted Maximum Likelihood - REML) (PATTERSON e THOMPSON, 1971).

O Método I de Henderson consiste em obter as estimativas de variâncias e covariâncias, igualando-se os quadrados médios às suas esperanças matemáticas e resolvendo o sistema de equações formado. O Método II consiste em estimar os efeitos fixos de um modelo que ignora os efeitos aleatórios, ajustar os dados a esses efeitos e, em um modelo aleatório, aplicar o Método I. O Método III de Henderson utiliza o método de ajustamento de constantes de Yates, em que a soma de quadrados para cada fator é calculada pela diferença entre as somas de quadrados obtidas pelo ajuste de um modelo completo e de um submodelo que exclui aquele fator. Após obtenção das somas de quadrados, são calculados os quadrados médios que,

do mesmo modo que no Método I, fornecem as estimativas dos componentes de variância. De acordo com BEAUMONT (1991) e SORENSEN e KENNEDY (1984).

Os estimadores ML consistem em maximizar a função de probabilidade (variável aleatória discreta) ou a função densidade de probabilidade (variável aleatória contínua), obtidas da amostra observada. Para se obterem estimadores ML, é necessário conhecer a distribuição da variável em estudo. Em muitos casos, há um único estimador ML para cada parâmetro incluído no modelo em estudo, para o qual, na maioria das vezes, se torna mais fácil trabalhar com a função de verossimilhança logaritimizada. A estimação dos componentes de variância e de covariância em um modelo misto requer a derivação da função densidade de probabilidade do modelo em estudo, em relação aos efeitos fixos e aos componentes de variância e covariância dos efeitos aleatórios.

2.6. Ganhos por seleção

Um dos objetivos no melhoramento genético é indicar e ou desenvolver estratégias que levam no menor espaço de tempo e com maior precisão, aos resultados desejados. E como o próprio nome já diz, na maioria das vezes o que importa não é a descoberta e sim o melhoramento daquilo já existente. Sendo assim a seleção vem como uma excelente ferramenta para o melhorista, pois é através dela que se pode alterar a frequência gênica e melhorar a característica desejada.

Desta forma, o fruto de todo e qualquer programa de melhoramento genético pode ser considerado o progresso em cada característica, a cada geração, resultante do método de seleção adotado. Por esta razão, destaca-se a grande contribuição da genética quantitativa, pelo fato de permitir previsões deste progresso. Segundo VENCOVSKY (1987), existe uma expressão para estimar o progresso esperado ajustada a cada estratégia de seleção. Entretanto, todas as expressões baseiam-se na regressão linear simples, como a seguir:

$$Y = a + bX \quad \text{ou} \quad Y - \bar{Y} = b(X - \bar{X})$$

em que

$Y - \bar{Y}$ = representa o ganho de seleção (GS);

b = representa o coeficiente de herdabilidade (h^2);

$X - \bar{X}$ = equivale ao diferencial de seleção (DS).

Desta forma, o ganho de seleção pode ser expresso por:

$$GS = DS \cdot h^2$$

Deve-se destacar que a seleção, independente do número de características envolvidas, pode ser praticada em nível de populações, de indivíduos, de médias de famílias e entre e dentro de família, cuja resposta irá depender das estratégias estabelecidas em cada caso, e a resposta a seleção é função tanto do método de seleção, quanto do delineamento estatístico e do esquema de cruzamento.

Visto que cada árvore pode proporcionar um número muito grande de descendentes, que durante seu ciclo de vida há uma forte competição entre árvores, com diferentes graus de intensidades, proporcionando distorções na curva de distribuição de freqüências dentro das populações, vê-se cada vez mais a necessidade de desenvolvimento de estudos na linha de técnicas de predição de ganhos por seleção.

A seleção visa a identificação, por meio de critérios previamente estabelecidos, daqueles indivíduos que devem permanecer em um programa de melhoramento a cada geração, tendo como resultado os avanços desejados. No processo de seleção pode-se manipular populações, famílias e ou indivíduos, levando em conta os seus respectivos valores fenotípicos ou genotípicos.

Pode-se considerar que os procedimentos de seleção variam de acordo com os critérios estabelecidos pelo melhorista, em relação aos dois termos (DS e h^2) da expressão descrita anteriormente. Existem diversas modalidades de seleção, cujas diferenças nem sempre são claras, entretanto, as principais diferenças, segundo PATERNIANI e MIRANDA FILHO (1987), estão no nível

de controle parental, na existência ou não de progênie e no controle ambiental. Como principais modalidades podemos citar:

- Seleção em tandem: consiste na seleção de uma característica após a outra, isto é, só muda para a característica seguinte quando aquela trabalhada atingiu o nível desejado, ignorando os efeitos nas outras características, o que pode produzir resultados indesejáveis para culturas de ciclo longo, como no caso de espécies florestais.
- método denominado níveis mínimos (ou máximos) de eliminação: consiste em selecionar em um mesmo ciclo várias características, cada uma na idade mais apropriada. Neste caso, são estabelecidos os limites abaixo ou acima dos quais os indivíduos são eliminados, entretanto, conforme COTTERILL e DEAN (1990), este método torna-se de difícil aplicação para grande número de características, assim como nos casos em que as características mais importantes são difíceis de serem medidas e requerem processos caros de avaliação.
- Método com base nos índices de seleção: envolve todas as características de interesse, simultaneamente, por meio da geração de um valor único para cada indivíduo, sobre o qual se aplica a seleção, tomando como base o valor econômico de cada característica, ou para uma única característica, em que se considera o mérito do indivíduo e da família.

2.6.1. Seleção entre e dentro

O processo de seleção de famílias começou por volta de 1840, quando se percebeu que nem sempre as melhores plantas produziam as melhores progênie. Verificou-se, então, que seleção de indivíduos superiores, provenientes de progênie superiores, garantiria maior sucesso no processo seletivo. Esse processo seletivo teve algumas alterações em relação ao

proposto inicialmente, sendo atualmente conhecido como “seleção entre e dentro de famílias” (PATERNIANI e MIRANDA, 1987).

Esta modalidade de seleção consiste, numa primeira etapa, em selecionar ou rejeitar famílias inteiras, levando em conta o desvio do valor da família em relação ao valor fenotípico médio da população. Uma vez fixadas as famílias selecionadas, efetua-se a seleção dentro delas, levando em conta o desvio do valor fenotípico de cada indivíduo, em relação ao valor fenotípico médio da população. Aqueles indivíduos de mais alto valor fenotípico são tidos como superiores (SILVA, 1982).

Nesta modalidade as plantas-mães selecionadas inicialmente não participam no processo de recombinação após seleção, mas, sim, seus descendentes, geralmente aqueles que estão sendo testados.

Pode-se citar duas situações para essa modalidade de seleção:

- quando as plantas das progênes componentes do ensaio são avaliadas e depois totalmente descartadas, sendo a recombinação feita em área separada, entre irmãs das plantas ensaiadas, o que não seria viável em espécies florestais em função do comprimento do ciclo reprodutivo,
- quando as próprias plantas do ensaio de progênie, após avaliadas, participam no processo de recombinação, o que é habitualmente empregado em espécies florestais.

Segundo VENCOVSKY e BARRIGA (1992), a seleção praticada de forma a explorar os efeitos genéticos entre e dentro das famílias obedece ao seguinte modelo:

$$p_{jk} = \mu + f_j + w_{jk} + e_{jk}$$

em que

p_{jk} = é o valor fenotípico da k-ésima planta na j-ésima família;

μ = é a média geral;

f_j = é o valor genético da família j ;

w_{jk} = é o desvio genotípico da planta jk do valor genético da família j; e

e_{jk} = são os efeitos não-genéticos.

Considera-se que todos os efeitos, exceto μ seguem uma distribuição normal com média zero, variâncias σ_f^2 , σ_w^2 , σ_e^2 e covariâncias $COV(f,w) = COV(f,e) = COV(w,e) = 0$.

Dessa forma, a seleção é praticada identificando-se as melhores famílias e, dentro destas, as melhores plantas, tendo como base uma intensidade de seleção e um tamanho de famílias previamente estabelecidos. Para famílias de meios-irmãos (FMI), este tamanho pode ser estabelecido pela seguinte equação:

$$\text{Tamanho da família (FMI)} = 0,56 \left(\frac{T}{Nh^2} \right)^{1/2}$$

em que

T = é o número total de árvores no teste;

N = é o número de famílias a serem selecionadas; e

h^2 = é a herdabilidade obtida para o caso de se ter parcelas de uma só planta.

Analisando a equação acima, verifica-se que à medida em que se aumentam o número de famílias e a herdabilidade, reduz-se o número de árvores por parcela.

A resposta à seleção (R) é proporcionada pela simples soma aritmética dos ganhos entre (R_b) e dentro (R_w) de famílias, logo:

$$R = R_b + R_w$$

VENCOVSKY e BARRIGA (1992), considerando a seleção entre e dentro para ambos os sexos apresentam a seguinte expressão, para obtenção da estimativa do ganho genético para uma característica:

$$GS = k_1 \frac{\left(\frac{1}{4} \right) \sigma_a^2}{\sigma_{Y\bar{F}}} + k_2 \frac{\left(\frac{3}{4} \right) \sigma_a^2}{\sigma_{YF}}$$

em que

k_1 e k_2 = são as intensidades de seleção entre e dentro da famílias respectivamente;

σ_a^2 = é a variância genética aditiva;

σ_{yF} = é o desvio-padrão fenotípico entre as médias das famílias; e

σ_{yF} = é o desvio-padrão fenotípico entre os indivíduos dentro das famílias.

No meio florestal, este método tem sido adotado tanto pela sua praticidade como pelo conhecimento dos melhoristas sobre o mesmo, podendo citar como vantagens:

- Possibilidades de obtenção de ganhos expressivos no estabelecimento de pomares de sementes por mudas, a partir de testes de progênies;
- Aplicação de seleção para ambos os sexos;
- Não utilização de tratamentos computacionais complicados; e
- Possibilidade de manipulação da intensidade de seleção entre e dentro de famílias.

2.6.2. Seleção combinada

Uma das críticas que se faz à seleção entre e dentro de progênies é o fato de indivíduos potencialmente superiores de progênies médias a intermediárias ou indivíduos medianos de progênies superiores não serem selecionados. Para contornar esse problema, é possível empregar a seleção combinada. Esta é uma estratégia que utiliza, simultaneamente, as informações do indivíduo e de seus parentes. Segundo SILVA (1982), a seleção combinada é um tipo particular de índice de seleção, em que se considera apenas uma determinada característica, com a qual o melhorista procura encontrar uma

combinação ideal das informações do indivíduo, com as informações de seus parentes, possível de ser usada como critério de seleção.

A seleção combinada é aquela em que o critério de seleção é o índice estabelecido pela combinação linear da informação do indivíduo e de seus aparentados (CRUZ, 2001).

Segundo VIANA e CRUZ (1997), a seleção combinada é uma técnica usada para identificar indivíduos com melhor valor genético aditivo numa população sob seleção, usando informação do indivíduo e da sua família. Esse procedimento pode aumentar a eficiência do processo seletivo, maximizando o ganho genético esperado.

A seleção combinada baseia-se no estabelecimento de um índice para cada indivíduo, para aquela característica, cujos pesos que compõem esse índice são obtidos dos próprios indivíduos e de seus parentes. Para tanto, devem ser estimados os desvios dos valores fenotípicos dos indivíduos em relação à média das famílias e da média das famílias em relação à média da população (SILVA,1980). No caso de experimentos com repetições, MORAIS (1992) salienta a necessidade de considerar o desvio do indivíduo em relação à média da parcela, a fim de evitar o efeito de repetição no índice obtido. Como a média da parcela reflete um forte componente ambiental, PIREZ (1996) sugere a adoção de um índice alternativo , que adota o desvio do indivíduo em relação à média do bloco, e que comprovadamente oferece resultado mais precisos.

Como no setor florestal, normalmente, está em consideração um conjunto de características que muitas vezes apresentam algum grau de correlação, os índices de seleção ou seleção combinada assumem importância fundamental.

Alguns índices, simples e de fácil aplicação, que poderão ser utilizados com certa eficiência, dependendo da experiência do melhorista e do tipo de material genético trabalhado são apresentados por COTTERILL e DEAN (1990).

Uma das maiores dificuldades na utilização dos índices clássicos de seleção está na definição precisa do valor econômico da característica de

interesse, assim como na utilização das informações disponíveis, que são geralmente inconsistentes sobre características múltiplas e de parentes, dificultando a obtenção de estimativas precisas dos ganhos.

Devido a isso, características de pesos econômicos de difíceis determinações não devem ser incluídas no índice, e é importante o conhecimento do nível de correlação entre as características, visto que duas características de alta correlação genética, consideradas em igual peso, implicará um alto coeficiente de ponderação para uma e baixo para a outra, resultando em um baixo ganho acumulado (COTTERILL e DEAN, 1990).

Segundo NAMKOONG et al. (1988), a aplicação de seleção à características não-correlacionadas não requer maiores cuidados, porém, como a maioria das características de interesses econômicos apresentam algum nível de correlação, então adoção do índice de seleção com base numa função linear, em que cada característica contribui numa dada proporção para constituição do fenótipo, é o caminho mais indicado.

COTTERILL e DEAN (1990) citam como índice clássico, o índice de Smith e Hazel, que considera duas funções lineares, uma com base nos valores fenotípicos:

$$I = b_1x_1 + b_2x_2 + K + b_nx_n$$

e a outra com base nos valores genotípicos:

$$H = a_1y_1 + a_2y_2 + K + a_ny_n$$

Então dois índices são estabelecidos, expressos respectivamente por:

$$I = \sum_{i=1}^n b_i x_i \quad \text{e} \quad H = \sum_{i=1}^n a_i y_i$$

em que

x e y = são os valores fenotípicos e genotípicos dos indivíduos, respectivamente,

a_i = são pesos econômicos estabelecidos para cada característica pelo melhorista ($i = 1, 2, \dots, n$),

b_i = estimados de forma a maximizar a correlação entre I e H ($i = 1, 2, \dots, n$).

Os coeficientes b_i 's podem ser obtidos matricialmente, conforme apresentado a seguir:

$$Pb = Ga \quad \text{ou} \quad b = P^{-1}Ga$$

em que

G = é a matriz de variâncias e covariâncias genéticas;

P = é a matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas; e

a = é o vetor de pesos econômicos atribuídos às características.

É importante salientar que as diferenças nos resultados obtidos com a utilização do índice de seleção estão associadas, na maioria dos casos, a fatores do ambiente, dominância e epistasia, por terem reflexo direto no fenótipo.

A superioridade de um índice de seleção pode ser definida em termos dos ganhos proporcionados pela seleção direta. O índice de seleção faz com que os ganhos totais sejam elevados, sendo válido também quando se tem mais de uma característica como principal, em que a seleção direta não se aplica. E a obtenção de estimativas precisas do índice requer, no entanto, a existência de matrizes de variâncias bem estimadas e de pesos econômicos, atribuídos aos vários caracteres, bem definidos (CRUZ, 1990).

Neste sentido, FINS et al. (1992) destacam a importância da configuração da parcela no planejamento dos testes genéticos, por interferir drasticamente na competição intraclasse. Conforme estes autores, a média de famílias não se altera muito com o tipo de parcela, no entanto, dentro das parcelas há um confundimento da variância genética e ambiental, superestimando, na maioria das vezes, a variância dentro. Assim, para a maior

precisão e confiabilidade nos resultados dos testes, é importante que se definam, previamente, os objetivos pretendidos.

Maiores detalhes sobre os índices de seleção para múltiplas características simultaneamente poderão ser encontrados em BAKER (1986), COTTERILL e DEAN (1990) e CRUZ e REGAZZI (1994).

Segundo PIRES (1996), os índices de seleção combinada constituem modalidades de seleção que visam priorizar o mérito individual, em complemento ao valor de suas respectivas famílias. Assim, tratando-se do mérito da família e dos indivíduos que a compõem, pode-se adotar o índice de seleção combinada, que consiste na obtenção de um índice para cada indivíduo, para uma determinada característica de interesse, resultante de uma combinação ótima do valor genético de cada progênie e de cada um dos índices de seleção combinada como sendo:

$$I_{jk} = b\bar{p}_j + p_{jk}$$

em que

I_{jk} = é o valor do índice a ser atribuído à k-ésima planta da j-ésima família;

b = é a relação entre dois coeficientes de regressão parciais de \bar{p}_j e p_{jk} em relação a y (valor genético verdadeiro de uma progênie);

\bar{p}_j = é a média da família j ; e

p_{jk} = é o valor fenotípico da k-ésima planta da j-ésima família, sendo a seleção praticada como seleção massal, com base no índice.

Vários autores consideram a eficiência da seleção combinada como igual ou superior aos métodos de seleção que consideram os méritos dos indivíduos ou médias das progênies em etapas separadas, entre eles pode-se citar SILVA (1982), FALCONER (1989), MORAIS (1992), PIRES (1996) e PAULA (1997).

Segundo FALCONER (1989), embora a seleção combinada seja semelhante ou superior a qualquer outro método de seleção que envolve a

estrutura de famílias, considerando uma característica, esta superioridade nunca é muito grande. Este autor, quando analisou a seleção de famílias de irmãos completos, com muitos indivíduos avaliados por famílias, concluiu que teoricamente o mérito relativo da seleção de famílias será maior quando a correlação fenotípica entre indivíduos dentro de família for baixa, e para a seleção dentro de família, quando a correlação for alta.

2.6.3. Seleção baseada nos valores genéticos obtidos pelo BLUP

2.6.3.1. Método da máxima verossimilhança restrita – REML

O conhecimento prévio dos componentes de variância e covariância é necessário na predição dos valores genéticos, quando se faz uso de métodos de predição como o BLUP (melhor predição linear não-viesada). Entretanto, estes componentes não são geralmente conhecidos e podem ser estimados por vários métodos, dentre eles o da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), que é o recomendado para modelos lineares mistos e dados desbalanceados (MEYER, 1986).

Tal método consiste em dividir cada observação em duas partes independentes: uma referente aos efeitos fixos e outra aos aleatórios, de maneira que a função densidade de probabilidade das observações é dada pela soma das funções densidades de probabilidade de cada parte. A maximização da função densidade de probabilidade da parte referente aos efeitos aleatórios, em relação aos componentes de variância, elimina o viés resultante da perda de graus de liberdade na estimação dos efeitos fixos do modelo (PATTERSON e THOMPSON, 1971).

Para a aplicação de um modelo linear misto, é necessário estimar "a priori" os elementos das matrizes de variâncias e covariâncias genéticas e residuais, de maneira que as estimativas representem, de forma mais próxima possível, os verdadeiros valores. As justificativas para o uso do REML, na estimação desses componentes, são que as soluções das equações do REML coincidem com os estimadores da ANOVA para dados balanceados, com a

vantagem de considerar a perda de graus de liberdade, resultante da estimação dos efeitos fixos do modelo (ANDERSON, 1984). Mas, se os dados são não balanceados, os estimadores são divergentes, conforme atestam CORBEIL e SEARLE (1976). HENDERSON (1986) acrescenta que esses estimadores são capazes de produzir variâncias amostrais e erros quadráticos médios menores que outros métodos que fornecem estimadores não-viesados.

As estimativas obtidas pelo REML sempre caem dentro do espaço paramétrico. De modo geral, a obtenção das estimativas pelo REML implica no uso de métodos que demandam grande esforço computacional, em termos de memória e tempo de processamento. Para contornar esse problema, GRASER et al. (1987) propuseram um algoritmo para análise de uma característica, no qual o ponto de máximo do logaritmo da função densidade de probabilidade, da parte aleatória das observações, é determinado por meio de sucessivas avaliações da função, a partir de valores atribuídos à razão entre os componentes de variância genética aditiva e residual. Este algoritmo não envolve a derivação da função densidade de probabilidade, em relação aos componentes de variância, para o estabelecimento do sistema de equações. Em razão disso, foi denominado DFREML (Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood). BOLDMAN et al. (1995) desenvolveram um aplicativo, o MTDFREML (Multiple-Trait DerivativeFree Maximum Likelihood), para características múltiplas, em modelos com dois ou mais fatores aleatórios.

A metodologia de modelos mistos para avaliação genética tem sido empregada e recomendada por vários pesquisadores em melhoramento, mas pouco utilizada na área florestal. Ela tem sido indicada por fornecer estimativas não-viesadas de efeitos genéticos, comuns ou permanentes de ambiente e de grupo de indivíduos, efeitos maternos e de endogamia, efeitos de seleção, dentre outros.

FERRAZ e JONHSON (1993) relataram que os procedimentos de modelos mistos podem ser usados para obter estimativas de parâmetros genéticos específicos para populações, e também no monitoramento e melhoramento nos programas de seleção industriais. Isto pode ser feito analisando os dados com diferentes modelos que considerem os efeitos

genéticos direto e materno e a correlação entre eles, e ainda os efeitos permanentes ou de ambiente comum, identificando então o modelo mais apropriado, e por fim usá-lo para subseqüentes predições de valores genéticos.

De acordo com PATTERSON e THOMPSON (1971), o REML baseia-se na maximização da função densidade de probabilidade da parte referente aos efeitos aleatórios em relação aos componentes de variância. Desse modo, cada observação é dividida em duas partes independentes, uma referente aos efeitos fixos (L') e outra aos aleatórios (L''). Portanto, as estimativas desses efeitos são também independentes.

Vários algoritmos podem ser usados para obtenção das estimativas dos componentes de variância, pelos métodos ML e REML. Mas o REML é o método preferido para estimativa de parâmetros genéticos dos dados de melhoramento florestal. Com exceção dos delineamentos com dados balanceados, o processo de iteração é requerido para resolução das equações, e a convergência pode ou não ocorrer dentro do espaço paramétrico. Essa solução depende da matriz de incidência e do algoritmo utilizado (HENDERSON, 1986). No entanto, segundo VALENTE (1988), têm-se poucas informações a respeito do comportamento desses algoritmos quando aplicados em análises multivariadas e com números de observações desiguais.

HENDERSON (1986) apresentou o algoritmo EM (Maximização da Esperança) para características múltiplas e com a propriedade de forçar estimativas dentro de um espaço paramétrico permissível. O EM é um método iterativo com relativa simplicidade computacional. Para garantir estimativas de variâncias positivas, as matrizes iniciais de variâncias e covariâncias genéticas e residuais devem ser positivas definidas e permanecerem com a mesma característica após cada iteração. Esta característica de cada matriz de variância e covariância é determinada pelo cálculo dos autovalores de cada matriz no início de cada análise de iteração. Um autovalor nulo ou negativo indica que a matriz não é positiva definida. De acordo com VALENTE (1988), ainda não está claro qual o tipo de estratégia a ser tomada, quando ocorrem essas condições. Uma alternativa seria paralisar a execução do algoritmo EM, quando as matrizes se tornarem não-positivas definidas, sendo necessário

melhorar a amostragem dos dados da população, na tentativa de se obterem novas estimativas que dessem origem a matrizes de variâncias e covariâncias positivas definidas, permanecendo, assim, até a convergência das estimativas.

Outro algoritmo foi apresentado por MEYER (1986). O procedimento envolve uma transformação canônica, reduzindo uma análise q-variada a q análises univariadas correspondentes. A relação de parentesco entre os indivíduos foi ignorada e a convergência foi rápida, porém não houve garantia de que as estimativas da matriz de variância e covariância ficassem dentro do espaço paramétrico. Esse autor relatou que, numa análise de características altamente correlacionadas, existe forte tendência, em razão da amostragem, de que as matrizes de variâncias e covariâncias genéticas e residuais não sejam positivas definidas. A probabilidade de que isto ocorra aumenta em razão do número de características.

Em outro trabalho, MEYER (1989) descreveu o algoritmo DFREML (*Derivate-Free Restricted Maximum Likelihood*), denominação dada em razão de o método não envolver a derivação da função de probabilidade em relação aos componentes de variância. O DFREML, quando usado em análise univariada, apresenta ampla vantagem computacional em relação ao algoritmo EM, pois não requer a inversa da matriz V. MEYER (1991) estendeu o método para análise de dados com estrutura multivariada e mostrou que o número de iterações para obtenção das estimativas cresce, significativamente, com o aumento do número de características avaliadas. BOLDMAN et al. (1993) propuseram um conjunto de programas para estimar os componentes de variâncias e covariâncias baseados em modelos animais e em DFREML, denotado por MTDFREML (*Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood*). Esses programas podem ser usados para análises, com uma, duas e múltiplas características, e para observações repetidas, incluindo características com expressões limitadas ao sexo. Dentre outros resultados, apresentam soluções para efeitos fixos e predições dos valores genéticos.

2.6.3.3. Melhor preditor linear não-viesado – BLUP

A maioria dos dados disponíveis para melhoramento florestal é resultante de experimentos de seleção ou de povoamentos melhorados com grande desbalanceamento do número de dados nas subclasses. Como consequência, as usuais suposições de amostra aleatória, requeridas para estimação e predição, são raramente válidas. O BLUP foi desenvolvido por HENDERSON (1963, 1973, 1977), para lidar com dados desbalanceados no melhoramento. Na avaliação dos progenitores com base somente nas suas progênes, os efeitos fixos tornam-se de difícil estimação, porque existem tendências genéticas nos dados em razão do progresso de seleção, em que nos melhores indivíduos é tomado maior número de observações. Assim, o BLUP incorpora o 'best linear unbiased estimator - BLUE' (melhor estimador linear não-viesado) dos efeitos fixos, obtido por uma solução de quadrados mínimos generalizados (GLS), e o BLUP preditor dos efeitos genéticos aleatórios.

Sendo $y' = [y_1, y_2, \dots, y_n]'$ um vetor aleatório observável e $g' = [g_1, g_2, \dots, g_n]'$ um vetor aleatório não-observável, distribuídos conjuntamente, em que a média e a distribuição conjunta de y e g não são conhecidas, mas se conhecem as variâncias e covariâncias de y e g , pode-se avaliar o indivíduo obtendo-se \hat{w} , o BLUP de w :

$$\hat{w} = K'\beta^0 + L'\hat{g},$$

em que

K e L são matrizes conhecidas de contrastes estimáveis;

β e g são vetores desconhecidos de efeitos fixos e aleatórios, respectivamente;

$\beta^0 = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y$ é uma solução de quadrados mínimos generalizado (GLS) ou melhor estimador linear não viciado (BLUE) do vetor paramétrico dos efeitos fixos (β).

$K'\beta^0 = \text{BLUE}$ de um conjunto de funções estimáveis $K'\beta$ no modelo

$$y = X\beta + \varepsilon, \quad y \sim (X\beta, V);$$

$\hat{g} = C'V^{-1}(y - X\beta^0)$ é o melhor preditor linear não viciado (BLUP) do
 vetor paramétrico dos efeitos aleatórios (g);
 $E(K'\beta^0) = K'\beta$ (estimador não-tendencioso);
 $E(\hat{g}) = C'V^{-1} E(y - X\beta^0) = C'V^{-1} (X\beta - X\beta) = \phi$.

Os efeitos fixos (vetor β) deverão ser estimados e os efeitos aleatórios (vetor g) preditos nos mesmos dados. Na prática, as matrizes V e C devem ser estimadas pelos dados utilizados para as predições ou tomadas com base em valores de literatura. Dessa forma, todas as aplicações de BLUP são aproximadas. O uso de corretas e precisas estimativas dos componentes de variância resulta em predições que são mais próximas do BLUP. No entanto, segundo SALES e HILL (1976), a ordem de classificação das predições é menos influenciada por erros nas estimativas dos segundos momentos do que nos valores absolutos das predições.

De acordo com as propriedades do BLUP, apresentadas por HENDERSON (1973, 1974), podem-se deduzir os seguintes fatos:

- a) O BLUP de $L'g$ ($L'\hat{g}$) é translação invariante para o valor β , ou seja, a solução BLUP é independente de β em razão da restrição $BX = K'$.
- b) $E(\hat{w}) = E(w)$, por definição requerida para o preditor de w (\hat{w}), o que lhe confere predição não-viesada.
- c) O BLUP maximiza a correlação entre os valores genéticos preditos e os verdadeiros, quando não há variação dos efeitos fixos na avaliação dos indivíduos, ou seja, quando K' for identicamente nulo.
- d) Sob normalidade, $X\beta^0$ é o estimador de máxima verossimilhança (EMV) de $X\beta$; portanto, \hat{w} (BLUP de w) é o EMV de $E(w|y)$.
- e) Sob normalidade e com $K'=\phi$, a classificação em \hat{w} ou a classificação em $L'\hat{g}$ maximiza a probabilidade do correto ordenamento para todos os pares $(L'g_i, L'\hat{g}_i)$, na classe dos

preditores lineares de translação invariante com média zero, ou seja, com $E(L' \hat{g}) = \phi$.

- f) Sob normalidade, $K = \phi$ e $L' = I$, tendo os indivíduos a mesma quantidade e tipo de informações e não havendo correlações entre eles, o BLUP de g maximiza $E_s(g_s)$, quando a regra é selecionar todos os indivíduos que possuem o \hat{g} superior ao valor de truncamento t . Desse modo, a $E_s(g_s)$ maximiza o valor genético médio dos indivíduos da fração selecionada s , ou seja, $P(\hat{g}_i \geq t) = s$.

O procedimento BLUP vem sendo aplicado no melhoramento de plantas perenes no Brasil, em espécies como a pupunheira (FARIAS e RESENDE, 2000; 2001), a aceroleira (PAIVA et al. 2001; 2002), o cacaueteiro (RESENDE e DIAS, 2000; DIAS e RESENDE, 2001), O cafeeiro (RESENDE et al., 2001) e espécies florestais (RESENDE et al., 1993; 1996), dentre outras.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material

Na realização deste trabalho foram utilizadas 100 famílias de meios-irmãos de polinização livre, provenientes da CENIBRA (Celulose Nipo-Brasileira S.A) de *Eucalyptus urophylla*, cujas matrizes foram selecionadas fenotipicamente para volume de madeira. As famílias foram avaliadas num teste de progênies em Sabinópolis/MG, em áreas da CENIBRA, implantados em dezembro de 1994, em delineamento de blocos ao acaso com parcelas lineares de 8 plantas e cinco repetições (blocos), em espaçamento de 3 x 2 m. Ressalta-se, aqui, que a escolha desta espécie foi em virtude da mesma ser contemplada no programa de melhoramento da empresa, além de seu potencial para a formação de híbridos, contribuindo com genes favoráveis controladores de características silviculturais de grande importância.

O solo da área experimental é classificado como Latossolo Vermelho-Amarelo distrófico (LVAd₁), textura argilosa. A área, de relevo suave ondulado, está situada a altitude de 950 m, latitude de 18°/39' S e longitude de 42°/51' W. Apresenta precipitação pluvial média anual de 1.101 mm, concentrada nos

meses de outubro a março, temperatura média anual de 20,2° C, e o clima é classificado como Cwa, segundo a classificação de Köppen.

As árvores foram avaliadas, aos 55 meses de idade, com base nas características diâmetro à altura do peito (DAP) em cm; altura total (ALT) em m, e volume individual total com casca (VOL) em m³, para as 100 famílias, e utilizados dados desbalanceados a nível de indivíduo por família. A característica VOL foi obtida segundo a expressão:

$$\text{VOL (m}^3\text{)} = 0,004761 + 0,000033 \times \text{DAP}^2 \times \text{ALT}^2$$

3.2. Análise de variância

A análise de variância de cada característica quantitativa foi realizada com o objetivo de testar a hipótese da existência de variância genética entre medias de FMI na população, considerando dados de indivíduos dentro das parcelas e utilizando o software GENES (aplicativo computacional em genética e estatística) segundo CRUZ (2001). O delineamento foi o de blocos ao acaso com informações dentro de parcela, segundo o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + f_i + b_j + \varepsilon_{ij} + \delta_{ijk}$$

com

$i = 1, 2, \dots, g$ famílias

$j = 1, 2, \dots, b$ blocos

$k = 1, 2, \dots, n_{ij}$ plantas por parcela.

em que

Y_{ijk} = observação na k-ésima planta, na i-ésima família, do j-ésimo bloco

μ = média geral da população;

f_i = efeito da i-ésima família, em que $f_i \sim \text{NID}(0, \sigma_g^2)$

b_j = efeito do j-ésimo bloco, em que $b_j \sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$

ε_{ij} = efeito da variação ambiental entre famílias, em que $\varepsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$; e

δ_{ijk} = efeito da variação entre plantas dentro de famílias, em que
 $\delta_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma_{fd}^2)$.

Para proceder à análise de variância de experimentos desbalanceados com número diferentes de plantas dentro de parcelas, tem sido empregado o método utilizando a média harmônica, que conforme RAMALHO et al. (2000) citado por BONOMO (2002) é recomendado quando o número de falhas não é muito grande, como é o caso do experimento em estudo. O procedimento consiste em realizar a análise de variância, considerando os dados médios de tratamentos nos b blocos. Após obtenção das somas de quadrados para as fontes de variação blocos, famílias e variação entre parcelas. Adicionalmente, tem-se, para cada parcela, a variação dentro de parcelas. A média ponderada dessa variação representa a variação dentro de parcelas, que é inserida no quadro da análise de variância (CRUZ, 2001). O esquema de análise de variância, em nível de indivíduos, com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios, é apresentado no Quadro 1.

Quadro 1 – Esquema de análise de variância em nível de plantas individuais, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios, para modelo desbalanceado (com número desigual de indivíduos dentro da parcela)

FV	GL	SQ	QM	E(QM)	F
Blocos	b-1	SQB	QMB	$\hat{\sigma}_{fd}^2 + \bar{n}\hat{\sigma}_e^2 + \bar{n}g\hat{\sigma}_b^2$	
Famílias	g-1	SQF	QMF	$\hat{\sigma}_{fd}^2 + \bar{n}\hat{\sigma}_e^2 + \bar{n}b\hat{\sigma}_{gm}^2$	QMF/QME
Entre Parcelas	(b-1)(g-1)	SQE	QME	$\hat{\sigma}_{fd}^2 + \bar{n}\hat{\sigma}_e^2$	QME/QMD
Dentro de Parcela	$\sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^b (n_{ij} - 1)$	SQD	QMD	$\hat{\sigma}_{fd}^2$	
Total	n-1	SQT			

$\hat{\sigma}_{gm}^2$ = variância genética entre medias de famílias; $\hat{\sigma}_e^2$ = variância ambiental entre famílias; $\hat{\sigma}_{fd}^2$ = variância fenotípica entre plantas dentro de família; $\hat{\sigma}_b^2$ = variância entre blocos; QM = quadrado médio; E(QM) = esperança matemática dos quadrados médios e \bar{n} = número médio de indivíduos dentro de parcela.

O número médio de indivíduos dentro de parcela é obtido pela expressão:

$$\frac{1}{\bar{n}} = \frac{1}{gb} \sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^b \left(\frac{1}{n_{ij}} \right)$$

3.3. Estimação de parâmetros genéticos

3.3.1. Componentes de variâncias

Os componentes de variância para cada característica foram estimados a partir das análises da variância, conforme CRUZ (2001), por meio dos respectivos estimadores, como segue:

- Variância de bloco

$$\hat{\sigma}_b^2 = \frac{QMB - QME}{\bar{n}g}$$

- Variância fenotípica entre médias de famílias

$$\hat{\sigma}_{fm}^2 = \frac{QMF}{b\bar{n}}$$

- Variância fenotípica dentro de famílias

$$\hat{\sigma}_{fd}^2 = QMD$$

- Variância ambiental entre parcelas

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{QME - QMD}{\bar{n}}$$

- Variância genotípica entre médias de famílias

$$\hat{\sigma}_{gm}^2 = \frac{QMF - QME}{\bar{n}}$$

- Variância genotípica dentro de família ou entre plantas dentro de família

$$\hat{\sigma}_{gd}^2 = \frac{\theta_d}{\theta_e} \hat{\sigma}_{gm}^2 \quad (\text{para família de meios-irmãos } \theta_d = \frac{3}{4} \text{ e } \theta_e = \frac{1}{4})$$

$$\hat{\sigma}_{gd}^2 = 3\hat{\sigma}_{gm}^2$$

- Variância genética aditiva

$$\hat{\sigma}_a^2 = 4\hat{\sigma}_{gm}^2$$

- Variância fenotípica entre plantas no experimento

$$\hat{\sigma}_{fp}^2 = \hat{\sigma}_{fd}^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_{gm}^2 + \hat{\sigma}_b^2$$

3.3.2. Coeficientes de herdabilidade e de variação

Foram estimados os coeficientes de herdabilidade em nível de plantas individuais dentro de famílias, no bloco e no experimento, e em nível de médias de famílias, desprezando-se a ocorrência de endogamia, conforme CRUZ (2001), como a seguir:

- Coeficiente de herdabilidade, em nível de plantas individuais, para seleção entre plantas dentro de famílias:

$$h_d^2 = \frac{\hat{\sigma}_{gd}^2}{\hat{\sigma}_{fd}^2} = \frac{3\hat{\sigma}_{gm}^2}{\hat{\sigma}_{fd}^2}$$

- Coeficiente de herdabilidade, em nível de plantas individuais, para seleção entre plantas dentro do bloco.

$$h_b^2 = \frac{\hat{\sigma}_{gm}^2 + \hat{\sigma}_{gd}^2}{\hat{\sigma}_{fd}^2 + \hat{\sigma}_{ce}^2 + \hat{\sigma}_{gm}^2} = \frac{4\hat{\sigma}_{gm}^2}{\hat{\sigma}_{fd}^2 + \hat{\sigma}_{ce}^2 + \hat{\sigma}_{gm}^2}$$

- Coeficiente de herdabilidade, em nível de plantas individuais, para seleção entre plantas no experimento (seleção massal):

$$h_{ex}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{gm}^2 + \hat{\sigma}_{gd}^2}{\hat{\sigma}_{fd}^2 + \hat{\sigma}_{ce}^2 + \hat{\sigma}_{gm}^2 + \hat{\sigma}_b^2} = \frac{4\hat{\sigma}_{gm}^2}{\hat{\sigma}_{fd}^2 + \hat{\sigma}_{ce}^2 + \hat{\sigma}_{gm}^2 + \hat{\sigma}_b^2}$$

- Coeficiente de herdabilidade, em nível de médias de famílias, para seleção entre médias de famílias de meios-irmãos:

$$h_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_{gm}^2}{(QMF / b\bar{n})}$$

Os coeficientes de variação fenotípica, genética, ambiental e experimental foram estimados conforme VENCOVSKY e BARRIGA (1992):

- Coeficientes de variação fenotípica entre plantas dentro de famílias:

$$CV_{fd}(\%) = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_{fd}^2}}{\hat{m}}$$

em que m é a média geral do experimento.

- Coeficiente de variação fenotípica entre plantas no experimento:

$$CV_{fex}(\%) = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_{fd}^2 + \hat{\sigma}_{ee}^2 + \hat{\sigma}_{gm}^2 + \hat{\sigma}_b^2}}{\hat{m}}$$

- Coeficiente de variação genética entre famílias:

$$CV_{ge}(\%) = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_{gm}^2}}{\hat{m}}$$

- Coeficiente de variação genética dentro de famílias:

$$CV_{gd}(\%) = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_{gd}^2}}{\hat{m}}$$

- Coeficiente de variação ambiental:

$$CV_e(\%) = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_{ee}^2}}{\hat{m}}$$

- Coeficiente de variação experimental comparável ao de blocos ao acaso, sem informação dentro da parcela

$$CV_{ex} (\%) = \frac{100\sqrt{QME/\bar{n}}}{\hat{m}}$$

3.3.3. Estimação das correlações genética entre os caracteres

Visando avaliar os efeitos indiretos da seleção entre, da seleção dentro e da seleção combinada, foram estimadas as correlações genóticas.

A correlação genética entre os caracteres X e Y é, genericamente:

$$r_{G_{xy}} = \frac{\hat{\sigma}_{G_{xy}}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{G_x}^2 \hat{\sigma}_{G_y}^2}}$$

sendo $\hat{\sigma}_{G_{xy}}$ a covariância genética. Seu estimador é:

$$\hat{\sigma}_{G_{xy}} = \frac{\hat{\sigma}_{G_{(x+y)}}^2 - \hat{\sigma}_{G_x}^2 - \hat{\sigma}_{G_y}^2}{2}$$

em que $\hat{\sigma}_{G_{(x+y)}}^2$, $\hat{\sigma}_{G_x}^2$ e $\hat{\sigma}_{G_y}^2$ são os estimadores das variâncias genéticas para os caracteres x+y, x e y.

3.4. Progresso com seleção

Foram estimados os ganhos de seleção, considerando as 100 famílias de meios-irmãos, em função de uma porcentagem de seleção de 25% entre e 25% dentro de famílias, para cada característica, para seleção convencional entre e dentro, assim como para seleção com base no índice de seleção combinada. Todas as características foram selecionadas no sentido positivo, isto é, de modo a obter acréscimo em suas médias originais.

3.4.1. Seleção entre e dentro – direta e indireta

Foi utilizado o método de seleção entre e dentro direta e indireta conforme CRUZ (2001):

- **Ganho de seleção direta entre famílias**

$$GS_e = h_m^2 DS \quad \text{e} \quad GS_e(\%) = \frac{100GS_e}{\bar{X}_0}$$

sendo

GS_e = ganho de seleção entre;

h_m^2 = herdabilidade em nível de média de família. É estimada a partir das matrizes de variâncias e covariâncias genóticas e fenotípicas entre médias de famílias.

$DS = \bar{X}_s - \bar{X}_0$ = diferencial de seleção ; e

\bar{X}_0 e \bar{X}_s = média original e dos indivíduos selecionados, respectivamente.

- **Ganho de seleção direta dentro de famílias**

$$GS_d = h_d^2 DS_m \quad \text{e} \quad GS_d(\%) = \frac{100GS_d}{\bar{X}_0}$$

sendo

GS_d = ganho de seleção dentro;

h_d^2 = herdabilidade em nível de plantas (entre plantas dentro de famílias). É estimada a partir das matrizes de variâncias e covariâncias genóticas e fenotípicas dentro de famílias.

DS_m = diferencial de seleção médio dentro das várias parcelas das famílias selecionadas.

- **Ganho de seleção indireto entre e dentro de famílias**

Foi estimado por meio de

$$GS_{j(i)} = \hat{\beta}_{j(i)} GS_i$$

sendo

$GS_{j(i)}$ = ganho de seleção indireto no caráter j, pela seleção praticada no caráter i;

GS_i = ganho de seleção direto em no caráter i;

$\hat{\beta}_{j(i)} = \frac{C\hat{o}v_g(x_i, x_j)}{\hat{\sigma}_{g_i}^2}$ = coeficiente de regressão genético;

$C\hat{o}v_g(x_i, x_j)$ = covariância genética (entre ou dentro) entre os caracteres i e j; e

$\hat{\sigma}_{g_i}^2$ = variância genética (entre ou dentro) do caráter principal, sobre o qual se pratica a seleção.

3.4.2. Seleção combinada

A seleção combinada, considerando determinado caráter, consiste no estabelecimento de um índice para cada indivíduo, cujos valores que compõem esse índice são obtidos dos próprios indivíduos e de seus parentes.

No presente trabalho, adotou-se o índice, apresentado por PIRES (1996) dado por:

$$I_{ijk} = b_1(Y_{ijk} - \bar{Y}_{.j}) + b_2(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})$$

em que

I_{ijk} = é o índice estimado do valor genético (preditor do valor genético) da k-ésima planta, da i-ésima família, no j-ésimo bloco;

Y_{ijk} = valor fenotípico do indivíduo ijk;

$\bar{Y}_{.j}$ = média do bloco j;

$\bar{Y}_{i..}$ = média da família i;

$\bar{Y}_{...}$ = média geral da população; e

b_1 e b_2 = coeficientes obtidos de modo a maximizar a correlação entre o índice (I) e o verdadeiro valor genético dos indivíduos.

Para obtenção dos pesos do indivíduo e da família no índice, adota-se o modelo generalizado:

$$I_{ijk} = b_1 z_1 + b_2 z_2$$

O vetor b é então estimado por:

$b = P^{-1}I$ de modo que :

$$b = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix}, P = \begin{bmatrix} \hat{V}(z_1) & \text{Côv}(z_1, z_2) \\ & \hat{V}(z_2) \end{bmatrix}, I = \begin{bmatrix} \text{Côv}_g(z_1, g) \\ \text{Côv}_g(z_2, g) \end{bmatrix}$$

em que

z_1 e z_2 são os vetores dos desvios dos valores fenotípicos da planta em relação à média da parcela e dos desvios da média da família com a média geral da população.

\hat{b} é o vetor dos estimadores dos coeficientes do índice (\hat{b}_1 e \hat{b}_2)

P é a matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas para os termos da expressão do índice;

G é a matriz de covariâncias entre os desvios e os valores genéticos dos indivíduos que pode ser dada por:

$$\text{Côv}_g(z_1, g) = \text{Côv}_g(z_1, G_{ijk}) \text{ e } \text{Côv}_g(z_2, g) = \text{Côv}_g(z_2, G_{ijk})$$

Neste caso tem-se:

a) Variância de z_1 :

$$\hat{V}(z_1) = \frac{g-1}{g} (\hat{\sigma}_{gm}^2 + \sigma_{ee}^2) + \frac{g\bar{n}-1}{g} \sigma_{fd}^2$$

b) Variância de z_2

$$\hat{V}(z_2) = \frac{g-1}{g} \left(\hat{\sigma}_{gm}^2 + \frac{\hat{\sigma}_{ee}^2}{b} + \frac{\hat{\sigma}_{fd}^2}{bn} \right)$$

c) Covariância entre z_1 e g :

$$\text{Cov}(z_1, g) = \left[\frac{(g\bar{n} - 1) - (\bar{n} - 1)\hat{\theta}}{g\bar{n}} \right] \hat{\sigma}_a^2$$

Em que $\hat{\theta}$ é o estimador da correlação genética entre plantas de uma mesma parcela (para famílias de meios irmãos $\hat{\theta} = 0,25$).

d) Covariância entre z_2 e g :

$$\text{Cov}(z_2, g) = \frac{g-1}{g} \left[\frac{1 + (g\bar{n} - 1)\hat{\theta}}{g\bar{n}} \right] \hat{\sigma}_a^2$$

e) Covariância entre z_2 e z_2 :

$$\text{Cov}(z_2, z_2) = \frac{g-1}{g} \left(\sigma_{gm}^2 + \frac{\sigma_{ee}^2}{b} \right)$$

f) Coeficiente b_1

$$\hat{b}_1 = \frac{\hat{V}(z_2)\text{Cov}(z_1, g) - \text{Cov}(z_1, z_2)\text{Cov}(z_2, g)}{\hat{V}(z_1)\hat{V}(z_2) - \text{Cov}^2(z_1, z_2)}$$

g) Coeficiente b_2

$$\hat{b}_2 = \frac{\hat{V}(z_1)\text{Cov}(z_2, g) - \text{Cov}(z_1, z_2)\text{Cov}(z_1, g)}{\hat{V}(z_1)\hat{V}(z_2) - \text{Cov}^2(z_1, z_2)}$$

Para experimentos em que o valor de nb é elevado, $\left[1 + \frac{(1 + \hat{\theta})}{nb\hat{\theta}} \right] \cong 1$

então o índice torna-se:

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

h) Variância do índice de seleção:

$$\hat{V}(I) = \hat{\sigma}_I^2 = \hat{b}'P\hat{b}$$

i) Variância do valor genético verdadeiro ou agregado genotípico:

$$\hat{\sigma}_H^2 = \hat{\sigma}_a^2$$

- **Ganho de seleção combinada (baseado no índice)**

Foi estimado por meio de:

$$GS = DS_i$$

sendo

DS_i = diferencial de seleção baseado no índice combinado, ou seja:

$$DS_i = \bar{I}_s - \bar{I}$$

em que

\bar{I}_s = valor médio do índice, considerando-se apenas os indivíduos selecionados; e

\bar{I} = valor médio do índice (igual a zero, para os índices considerados na análise)

3.4.3. Seleção baseada nos valores genéticos obtidos pelo BLUP

3.4.3.1. Equações de modelos mistos

Para a estimação das variâncias e covariâncias, as quais são requeridas para predição dos valores genéticos pela metodologia de modelos mistos, utilizou-se o software SELEGEM, conforme Resende (1999), realizando as análises pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML = Restricted Maximum Likelihood - REML) (PATTERSON e THOMPSON, 1971).

Para teste de progênie no delineamento de blocos ao acaso com várias plantas por parcela, e considerando a seleção por valores genéticos aditivos para famílias de meios-irmãos, todas as análises foram feitas mediante o uso do software SELEGEM e o modelo estatístico (modelo linear misto), segundo RESENDE (1999), equivale a:

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

em que

y = vetores de dados;

b = vetores de efeitos fixos (média geral e efeitos de bloco);

a = vetores de valores genéticos aditivos (aleatório);

p = vetores de efeitos de famílias (aleatórios);

e = vetores de erros aleatórios; e

X, Z e W = matrizes de incidência para b, a e p , respectivamente.

As equações de modelo misto para predição dos valores genéticos pelo procedimento BLUP sob modelo individual equivale a:

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix}^{-1} \cdot \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_{ee}^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - h^2 - p^2}{h^2}$$

$$\lambda_2 = \frac{\sigma_{ee}^2}{\sigma_p^2} = \frac{1 - h^2 - p^2}{p^2}$$

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2} : \text{herdabilidade individual no sentido restrito no bloco}$$

$$p^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2} : \text{correlação devida ao ambiente comum da parcela.}$$

em que

σ_a^2 : variância genética aditiva;

σ_p^2 : variância entre parcelas

σ_e^2 : variância ambiental entre famílias,

σ_e^2 : variância residual (ambiental dentro de parcelas + não aditiva)

A : matriz de parentesco genético aditivo entre os indivíduos.

3.4.3.2. Estimaco dos componentes de varincia e outros parmetros genticos

Segundo RESENDE (2002) as solues para as equaces de modelo misto devem ser obtidas por mtodos iterativos de resoluo de sistemas de equaces lineares, da seguinte forma:

$$\sigma_e^2 = [y'y - \hat{b}'X'y - \hat{a}'Z'y - \hat{c}'W'y] / [N - r(x)]$$

$$\sigma_p^2 = [\hat{c}'\hat{c} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}C^{33}] / s$$

$$\sigma_a^2 = [\hat{a}'A^{-1}\hat{a} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(A^{-1}C^{22})] / q \text{ : varincia ambiental entre famlias;}$$

σ_e^2 : varincia residual (ambiental dentro de parcelas + no aditiva)

C^{22} e C^{33} advm de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix}$$

em que

C : matriz dos coeficientes das equaces de modelo misto;

Tr : operador trao matricial;

r(x) : posto da matriz X;

N : nmero total de dados;

q : nmero de indivduos;

s : nmero de parcelas.

4. RESULTADO E DISCUSSÃO

4.1. Análise de variância

Os resultados da análise de variância para as características diâmetro á altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume total com casca (VOL), são apresentados no Quadro 2, onde o teste F foi significativo a 5% de probabilidade para as três características avaliadas. A existência de variância genética significativa sugere a possibilidade de obtenção de ganhos pela aplicação de Seleção para as três características.

A magnitude dos valores de CV_{ex} para DAP, ALT e VOL, podem ser considerados médios, conforme os padrões normalmente encontrados para o gênero *Eucalyptus* (Ramalho, 1993; Pires, 1996; e Resende, 1999), podendo admitir a existência de boa precisão na obtenção e análise dos dados, permitindo, portanto, confiabilidade nos resultados aqui obtidos (Quadro 2).

Quanto às médias das características (Quadro 2), elas estão dentro dos padrões normais da espécie para a idade e região de estudo.

Quadro 2 – Resultado da análise de variância para os dados de diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume total com casca (VOL), em famílias de meios-irmãos de *E. urophilla* aos 55 meses de idade.

Fontes de Variações	G.L.	Quadrados Médios		
		DAP(cm)	ALT (m)	VOL (m ³)
Blocos	4	17,29	17,13	4,7 x 10 ⁻³
Família	99	21,37*	23,57*	6,7 x 10 ⁻³ *
Entre Família	396	8,63	10,01	2,5 x 10 ⁻³
Dentro de Família	2910	7,74	5,25	1,9 x 10 ⁻³
Média		12,10	16,63	9,4 x 10 ⁻²
CV _{ex} (%)		9,51	7,45	20,79

* :Significativo a 5% de probabilidade, pelo teste F.

4.2. Estimativas dos parâmetros genéticos

Em populações utilizadas em programas de melhoramento a estimativa de parâmetros genéticos estabelece base para a escolha dos métodos, e um fato a ser observado é que, as estimativas obtidas só são válidas para a população da qual o material experimental constitui algum tipo de amostra, e para as condições em que o estudo foi conduzido. Assim, quando se pretende estimar as variâncias, tanto os genótipos quanto os ambientes de experimentação devem constituir amostras que represente ao máximo a população em questão.

4.2.1. Estimativas das variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais

Analisando o Quadro 3, pode-se observar que todas as características em estudo exibem níveis diferenciados de controle genético, o que mostra a magnitude das variâncias associadas, apesar dos valores estarem diretamente influenciados pela escala da característica. A característica VOL não deve ser comparada à DAP e ou ALT, pois a primeira é função das duas últimas.

Quadro 3 – Estimativas das variância, genotípica entre médias de famílias ($\hat{\sigma}_{gm}^2$), genotípica dentro de família ($\hat{\sigma}_{gd}^2$), genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), fenotípica entre médias de famílias ($\hat{\sigma}_{fm}^2$), fenotípica dentro de família ($\hat{\sigma}_{fd}^2$), fenotípica total ($\hat{\sigma}_{ft}^2$), em virtude do efeito de bloco ($\hat{\sigma}_b^2$), e ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_{ee}^2$), para as características DAP, ALT e VOL, para famílias de meios-irmãos de *E. urophylla*, aos 55 meses de idade

Variância	Característica		
	DAP	ALT	VOL
$\hat{\sigma}_{gm}^2$	0,39	0,42	1×10^{-4}
$\hat{\sigma}_{gd}^2$	7,61	4,63	$1,9 \times 10^{-3}$
$\hat{\sigma}_a^2$	1,56	1,66	5×10^{-4}
$\hat{\sigma}_{fm}^2$	0,54	1,14	2×10^{-4}
$\hat{\sigma}_{fd}^2$	7,74	5,35	2×10^{-3}
$\hat{\sigma}_{ft}^2$	8,28	6,49	$2,2 \times 10^{-3}$
$\hat{\sigma}_b^2$	0,01	0,01	0
$\hat{\sigma}_{ee}^2$	0,14	0,71	0

Como as variâncias ambientais, em nível de blocos e de experimento tenderam a zero, pode-se concluir que há uma baixa magnitude para o efeito de blocos e uma boa eficiência em termos de precisão experimental, como já evidenciado, anteriormente, pelo coeficiente de variação experimental.

4.2.2. Estimativas dos coeficientes de variação

No Quadro 4, são apresentados os coeficientes de variação genético, fenotípico e ambiental, bem como a relação CV_g/CV_e , para as características em estudo.

Quadro 4 – Estimativas dos coeficientes de variação genético entre famílias (CV_{ge}), genético dentro de família (CV_{gd}), fenotípico entre plantas dentro de família (CV_{fd}), fenotípico entre plantas dentro do experimento (CV_{fex}), ambiental (CV_e), e da relação entre os coeficientes de variação genético entre famílias e ambiental (CV_{ge}/CV_e), e entre os coeficientes de variação genético dentro de família e ambiental (CV_{gd}/CV_e), para as características DAP, ALT e VOL, para famílias de meios-irmãos de *E. urophylla*, aos 55 meses de idade

Coeficiente de Variação	Característica		
	DAP	ALT	VOL
CV_{ge}	5,16	3,87	12,11
CV_{gd}	22,79	12,94	45,91
CV_{fd}	22,99	13,91	46,93
CV_{fex}	23,79	15,32	49,42
CV_e	3,05	5,08	9,72
CV_{ge}/CV_e	1,69	0,76	1,25
CV_{gd}/CV_e	7,46	2,54	4,73

Segundo VENCOVSKY (1987), há uma situação favorável para a obtenção de ganhos na seleção, quando a relação entre o CV_{gd} e o CV_e tende a um ou mais, sendo, portanto, um indicador importante das possibilidades de sucesso na obtenção de ganhos genéticos. Assim, quando essa relação for superior a um, a variação genética supera a variação ambiental, favorecendo a seleção. Em vista disso e considerando-se os resultados aqui encontrados para essa relação, conclui-se que, para todas as características com exceção do CV_{ge} da ALT, tanto o CV_{ge} como o CV_{gd} foram superiores ao CV_e , evidenciando perspectiva favoráveis de ganhos genéticos na seleção entre e dentro de

famílias. Entretanto, não basta somente que esta relação seja superior a um, importando, também, a magnitude dos valores envolvidos.

VENCOVSKY (1987) e KAGEYAMA (1980) relatam que a relação CV_g/CV_e e a herdabilidade são indicadores das possibilidades de ganhos genéticos com a seleção, pois desempenham importante função no entendimento da estrutura genética da população por mostrarem a quantidade de variação existente entre famílias.

Como para todas as características o CV_{gd} foi bem maior que o CV_{ge} espera-se que a seleção entre e dentro de famílias promova maiores progressos com a seleção do que somente a seleção entre famílias.

Mesmo a relação CV_{ge}/CV_e para a característica ALT não tendo apresentado valor acima da unidade mais sim muito próximo, pode-se considerar como uma situação favorável para a obtenção de ganhos na seleção entre as famílias.

O coeficiente de variação genético (CV_g), que corresponde ao desvio padrão genético, expresso em porcentagem da média, é um indicador da grandeza relativa das mudanças em um caráter que podem ser obtidas por meio da seleção ao longo de um programa de melhoramento. Esses coeficientes que oscilaram entre 3,87% entre famílias para ALT, a 45,91 % dentro de família para VOL, indicam que a seleção das melhores progênies possibilitará expressivo aumento no valor genético da população.

A estimação de parâmetros genéticos de uma população é de grande importância nos programas de melhoramento. Porém, para um dado caráter, a estimativa de um parâmetro pode ser variável, pois é função da variabilidade genética existente na população e das condições de ambientes (FALCONER, 1989).

4.2.3. Estimativas de herdabilidade

A existência de variação estatisticamente significativa, entre famílias para qualquer caráter, é entendida como possibilidade de este caráter ser melhorado pela seleção. No entanto, esta constatação nada indica sobre a quantidade de variabilidade genética dentro dessa população. Mas pode para isso utilizar da estimativa de herdabilidade, mais especificamente no sentido restrito, que proporciona conhecimento da magnitude relativa das variações genéticas e ambientais.

A herdabilidade é um parâmetro que informa a confiabilidade que o valor fenotípico representa o valor genotípico (Vencovsky, 1987).

As estimativas de herdabilidade, em nível de médias de família, de plantas dentro de famílias, de plantas no experimento e no bloco, para as características. DAP, ALT e VOL podem ser observadas no Quadro 5.

As estimativas para as herdabilidades, em nível de blocos e de experimento, foram baixas e semelhantes para cada característica, evidenciando a baixa contribuição do efeito de blocos para a variância fenotípica (Quadro 5). Associando os baixos valores de herdabilidade no experimento e no bloco, aos altos valores de herdabilidade em nível de médias de famílias e baixos a nível de indivíduos dentro de famílias, conclui-se que não é viável a seleção massal, seja no bloco ou no experimento.

COTTERILL e ZED (1980) citam que, quando os valores de herdabilidade em nível de médias de famílias forem mais elevados que aqueles obtidos em nível de plantas dentro de famílias, a seleção será mais eficiente se se basear em famílias, do que dentro de famílias, isto considerando uma mesma intensidade de seleção. Neste caso, poder-se-ia combinar a seleção entre e dentro, a fim de explorar adequadamente a variabilidade, elevando o ganho genético total.

Quadro 5 – Estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de médias de famílias (h_m^2), de plantas dentro de famílias (h_d^2), de plantas no experimento (h_{ex}^2) e no bloco (h_b^2), estimados para as características em estudo, nas famílias de meios-irmãos de *E. urophylla*, aos 55 meses de idade

Coeficiente de herdabilidade	Características		
	DAP	ALT	VOL
h_m^2	0,59	0,58	0,63
h_d^2	0,15	0,23	0,20
h_{ex}^2	0,19	0,26	0,24
h_b^2	0,19	0,26	0,24

Conforme pode-se observar no Quadro 5, as características DAP, ALT e VOL apresentaram valores de herdabilidade em nível de médias de famílias relativamente altos, porém, muito próximos, variando de 0,59 a 0,63, evidenciando condições favoráveis para seleção entre médias de família, para todas as características.

4.2.4. Estimativas das correlações genótípicas entre os caracteres.

Segundo FALCONER (1989), a correlação que pode ser diretamente mensurada entre dois caracteres, em determinado número de indivíduos que representam a população, é denominada correlação fenotípica. É necessário distinguir duas causas nessa correlação: a genética e a ambiental. Somente a correlação genética envolve associações de natureza herdável e, por conseguinte, de real interesse num programa de melhoramento.

No Quadro 6 podemos observar como já era de se esperar, uma alta correlação entre as características ALT e DAP e entre essas duas com o VOL. O DAP apresentou uma maior correlação com o VOL devido à sua participação na determinação do VOL ser maior que a ALT (na cálculo de volume o DAP entra como um componente quadrático).

Os valores do coeficiente de correlação genética, entre todas as características foram altos, variando de 0,80 entre DAP e ALT a 0,98 entre DAP e VOL, e concordantes com os apresentados por PIRES (1996), indicando uma grande eficiência no uso da seleção indireta.

Quadro 6 – Estimativas das correlações genóticas entre as características estudadas, em nível de médias de famílias

Característica	DAP	ALT	VOL
DAP	1	0,8005	0,9781
ALT		1	0,8788
VOL			1

4.3. Seleção entre e dentro – direta e indireta

O objetivo principal no melhoramento de *eucalyptus* é identificar indivíduos, por meio de critério de seleção previamente estabelecido, que devem permanecer no programa de melhoramento de geração para geração. Segundo VENCOVSKY e BARRIGA (1992), estimar o progresso esperado com a seleção é uma das mais importantes aplicações da genética quantitativa. Pelos progressos esperados, o melhorista tem condições de julgar qual critério de seleção deve ser o mais promissor nas condições em que se desenvolve o programa de melhoramento.

A seleção entre e dentro de progênies consiste em, primeiramente, selecionar progênies inteiras, levando em conta o desvio do valor da progênie em relação ao valor fenotípico médio da população. Posteriormente, selecionam-se os melhores indivíduos, em relação ao valor fenotípico médio da progênie.

Os ganhos por seleção foram obtidos direta e indiretamente para cada característica, considerando seleção entre médias de famílias e dentro de famílias, pelo procedimento seleção entre e dentro – direta e indireta, utilizando o software Genes (CRUZ, 2001). As porcentagens de seleção foram 25%

entre e 25% dentro de famílias, sendo as mesmas mantidas para todas as características, a fim de facilitar as interpretações e discussões dos resultados e comparação entre os diferentes critérios de seleção empregados no presente estudo. Foram selecionadas, no total, 50 plantas, resultando numa porcentagem de seleção na população de 6,25%.

Os ganhos de seleção direta e indiretamente, entre, dentro e totais (entre e dentro), são apresentados no Quadro 7, para as 3 características (DAP, ALT e VOL), nas famílias de meios-irmãos de *E. urophylla*, aos 55 meses de idade

Quadro 7 - Média dos selecionados e ganhos de seleção entre (GS_e), dentro (GS_d) e entre e dentro (GS_{ed}), diretos e indiretos sobre as características diâmetro a altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume total com casca (VOL), para famílias de meios-irmãos de *E. urophylla*, aos 55 meses de idade

Seleção sobre	Resposta em			Ganho Total	
	DAP	ALT	VOL		
DAP	Média Sel.	13,15	17,49	0,11	
	GS_e (%)	5,14	3,09	11,79	
	GS_d (%)	3,10	1,93	6,46	
	GS_{ed} (%)	5,14	2,97	12,28	20,39
ALT	Média Sel.	12,81	17,69	0,11	
	GS_e (%)	3,91	3,67	10,07	
	GS_d (%)	2,39	2,23	5,65	
	GS_{ed} (%)	3,50	3,67	9,65	16,82
VOL	Média Sel.	13,12	17,55	0,11	
	GS_e (%)	5,28	3,57	12,67	
	GS_d (%)	4,24	2,94	9,17	
	GS_{ed} (%)	5,010	3,150	12,67	20,83

Apesar das características DAP, ALT e VOL, terem apresentado herdabilidade, entre e dentro de famílias (Quadro 5), muito próximas, proporcionaram respostas à seleção diferenciadas para todos os casos, conforme apresentado no Quadro 7. Dentre estas características, o menor

ganho obtido foi para ALT, tanto para seleção direta quanto para a indireta, considerando entre médias de famílias e dentro, fato este que pode ser explicado pela baixa variação genética em relação à DAP e VOL, exibida por esta característica, com evidenciam os seus respectivos coeficientes de variação genética (Quadro 4).

Os maiores ganhos, tanto para seleção direta quanto para a indireta sobre outra característica, considerando entre médias de famílias e dentro, foram obtidos para VOL. Resultado este compatível com a alta variação genética revelada por esta característica, e muito interessante para o melhoramento de *Eucalyptus*, dado que é a característica silvicultural mais importante no programa.

Dessa forma conclui-se que para as três características, considerando ganhos totais, pela seleção entre e dentro direta e indireta (Quadro 7), que os menores ganhos serão obtidos quando se seleciona sobre a ALT, ganhos intermediários para DAP e maiores quando a seleção é praticada sobre o VOL, com boas perspectivas de sucesso em um programa de melhoramento para tais características, evidenciando assim, a aplicabilidade da seleção entre e dentro de famílias para esta população, em especial para VOL.

Pode-se observar também no Quadro 8, que mesmo com as altas correlações entre os caracteres, houveram diferenças significativas quanto a ordem de seleção (ranqueamento das melhores famílias) e número das famílias selecionadas entre DAP, ALT e VOL.

Quadro 8 – Relação das famílias selecionadas pelo critério de seleção entre e dentro, para as características em estudo.

Ordem de seleção	Características		
	DAP	ALT	VOL
1	56	31	35
2	35	89	89
3	7	46	56
4	85	73	73
5	6	4	4
6	4	85	85
7	89	62	50
8	73	50	31
9	50	9	7
10	14	74	18
11	34	49	14
12	18	35	6
13	16	18	69
14	31	66	34
15	69	51	79
16	61	69	61
17	74	94	74
18	66	79	46
19	37	57	62
20	46	100	16
21	5	48	66
22	94	59	33
23	79	78	57
24	8	14	55
25	33	13	94
Média das selec.	13,14	17,69	0,1131

4.4. Seleção combinada

Uma das críticas que se faz à seleção entre e dentro de progênes é o fato de indivíduos potencialmente superiores de progênes médias a intermediárias ou indivíduos medianos de progênes superiores, não serem selecionados. Para contornar este problema, pode-se empregar a seleção combinada, que é uma estratégia de seleção que utiliza, simultaneamente, as informações do indivíduo e de seus parentes. Foi utilizado, como critério de seleção, o índice de seleção combinada proposto por PIRES (1996), que considera o desvio do indivíduo em relação ao bloco em que este se localiza,

concomitante com o desvio da progênie a que pertence este indivíduo, em relação a média da população.

O que difere basicamente a seleção combinada da seleção entre e dentro de famílias, é a consideração ao valor individual e as médias de famílias de maneira ponderada, feita pela seleção combinada, por meio da geração de um índice, resultando em um número diferenciado de famílias e indivíduos selecionados por famílias, enquanto, para seleção entre e dentro, esse número é constante.

Os resultados obtidos para os estimadores dos coeficientes \hat{b}_1 (coeficiente que indica o mérito do indivíduo) e \hat{b}_2 (mérito da família), para todas as características (DAP, ALT e VOL), são apresentados no Quadro 9.

Conforme ilustrado no Quadro 9, os coeficientes do índice de seleção b_1 e b_2 diferiram entre si, onde o coeficiente b_2 foi sempre superior ao b_1 .

Quadro 9 – Estimativas dos coeficientes b_1 e b_2 do índice de seleção combinada, em relação ao diâmetro a altura do peito (DAP), Altura total (ALT) e volume total com casca (VOL), nas famílias de meios irmãos de *E. urophylla* aos 55 meses de idade

Variável	b_1	b_2	b_2 / b_1
DAP	0,1612	0,5481	3,4001
ALT	0,2171	0,4603	2,1202
VOL	0,2031	0,5426	2,6716

Os resultados para as respostas à seleção com base no índice de seleção combinada são apresentados no Quadro 10. Com base neste quadro, verifica-se ganhos positivos para todas as características, considerando que as intensidades de seleção foram as mesmas aplicadas para a seleção entre e dentro de famílias, para todas as características, no sentido positivo ou de acréscimo. Avaliando os ganhos proporcionados pelo índice (Quadro 10), verifica-se a mesma tendência para todas as características, sendo menores para aquelas que apresentaram baixa variação genética entre e dentro de

famílias, aumentando à medida que aumenta essa variação, conforme pode-se constatar, ao associar os respectivos coeficientes de variação genotípico entre e dentro de famílias apresentados no Quadro 4.

Quadro 10 – Estimativas dos ganhos esperados à seleção entre, dentro e combinada para as características em estudo, nas famílias de meio-irmãos de *E. urophylla*, aos 55 meses de idade

Seleção		Característica		
		DAP	ALT	VOL
Seleção e dentro	GS	1,03	1,00	0,02
	GS(%)	8,50	6,04	23,68
Seleção Combinada	GS	1,34	1,31	0,03
	GS(%)	11,11	7,88	29,92

Observa-se no Quadro 10 que para todas as características, os maiores ganhos foram preditos com a seleção combinada, e que a característica ALT, com os mais baixos coeficientes de variação genética entre famílias (3,88) e dentro (12,94), proporcionou o menor ganho, enquanto o VOL com os mais altos entre famílias (12,11) e dentro (45,92), proporcionou o maior ganho.

No Quadro 11 estão apresentados os dados referentes à população de melhoramento estudada, bem como os valores genéticos associados aos cinquenta melhores indivíduos para cada uma das características estudada. Nestes quadros verificou-se, com exceção da característica DAP, que os melhores indivíduos possuem valores fenotípicos de magnitudes maiores que 100% acima da média inicial geral apresentada no Quadro 1, além de todos apresentarem valores genotípicos muito alto, indicando que a seleção desses indivíduos conduzirá a progressos genéticos consideráveis.

Quadro 11 – Valores fenotípicos individuais (VF) e valores genéticos (VG) sobre as característica diâmetro a altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume total (VOL), a nível de indivíduos, para famílias de meios-irmãos de *E. urophylla*, aos 55 meses de idade

Ordem	DAP			ALT			VOL								
	Bloco	Fam.	Ârv.	VF	VG	Bloco	Fam.	Ârv.	VF	VG	Bloco	Fam.	Ârv.	VF	VG
1	4	56	1	20,5	247	2	89	4	23,0	2,17	4	56	1	0,30	0,06
2	4	56	3	19,0	223	5	31	4	21,5	1,96	4	33	8	0,33	0,05
3	3	35	5	18,5	217	5	31	5	21,5	1,96	3	35	5	0,23	0,05
4	4	56	6	18,5	215	4	31	4	21,0	1,94	5	35	1	0,23	0,05
5	4	35	6	18,5	212	2	31	2	21,0	1,92	4	89	3	0,24	0,05
6	1	6	2	20,5	212	5	31	7	21,0	1,85	1	35	4	0,22	0,05
7	5	35	1	18,5	211	2	73	7	21,5	1,82	4	35	6	0,22	0,05
8	2	56	3	17,5	198	4	89	3	21,0	1,76	2	89	2	0,23	0,04
9	1	35	4	17,5	198	1	89	4	21,0	1,75	2	89	4	0,23	0,04
10	3	56	7	17,0	196	2	62	4	22,0	1,75	3	85	5	0,24	0,04
11	2	35	4	17,5	195	1	46	3	21,0	1,75	1	6	2	0,26	0,04
12	1	56	1	17,0	193	1	46	7	21,0	1,75	2	35	4	0,20	0,04
13	4	33	8	22,0	191	5	31	2	20,5	1,75	4	56	6	0,22	0,04
14	3	56	4	16,5	188	5	31	3	20,5	1,75	4	61	3	0,25	0,04
15	3	56	2	16,0	180	3	85	5	22,0	1,73	5	62	2	0,26	0,04
16	4	89	3	18,5	176	4	31	2	20,0	1,72	4	73	1	0,22	0,04
17	5	6	4	18,5	176	2	31	3	20,0	1,70	4	56	3	0,21	0,04
18	2	89	2	18,5	178	2	31	5	20,0	1,70	2	50	4	0,23	0,04
19	3	7	1	18,0	175	2	31	7	20,0	1,70	1	35	5	0,18	0,04
20	1	35	5	16,0	174	4	78	6	23,0	1,70	1	4	3	0,21	0,04
21	1	35	6	16,0	174	2	79	6	22,5	1,70	3	69	8	0,23	0,04
22	3	85	5	18,0	174	3	73	4	21,0	1,69	5	89	7	0,20	0,04
23	4	35	2	16,0	171	3	31	2	20,0	1,68	2	73	7	0,21	0,04
24	2	35	6	16,0	171	3	31	6	20,0	1,68	3	4	4	0,21	0,04

Quadro 11 - Continuação

Ordem	DAP			ALT			VOL								
	Bloco	Fam.	Árv.	VF	VG	Bloco	Fam.	Árv.	VF	VG	Bloco	Fam.	Árv.	VF	VG
25	4	7	2	18,0	1,69	5	89	4	21,0	1,67	4	74	4	0,23	0,04
26	1	56	4	15,5	1,69	1	89	1	20,5	1,65	5	4	2	0,21	0,04
27	1	14	2	18,5	1,69	4	46	4	20,5	1,64	5	6	4	0,23	0,04
28	1	14	4	18,5	1,69	4	31	1	19,5	1,61	4	35	2	0,17	0,04
29	2	50	4	18,5	1,68	4	31	8	19,5	1,61	5	89	6	0,19	0,04
30	5	4	2	18,0	1,67	3	62	8	21,5	1,61	5	73	2	0,20	0,04
31	5	56	4	15,5	1,66	2	31	4	19,5	1,59	2	56	3	0,19	0,04
32	4	73	1	18,0	1,65	4	81	2	23,0	1,59	2	62	4	0,23	0,04
33	4	35	1	15,5	1,63	3	31	7	19,5	1,57	5	73	1	0,20	0,04
34	1	4	3	17,5	1,62	5	89	6	20,5	1,56	4	35	1	0,17	0,04
35	1	4	7	17,5	1,62	5	89	7	20,5	1,56	5	50	4	0,21	0,03
36	5	35	2	15,5	1,62	1	85	2	21,0	1,55	5	69	2	0,22	0,03
37	5	35	4	15,5	1,62	1	85	3	21,0	1,55	1	35	6	0,16	0,03
38	5	35	6	15,5	1,62	1	62	4	21,0	1,55	4	50	4	0,20	0,03
39	5	35	7	15,5	1,62	5	73	1	20,5	1,54	4	7	2	0,21	0,03
40	3	69	8	19,0	1,62	5	69	5	22,0	1,53	5	89	4	0,18	0,03
41	1	56	5	15,0	1,61	4	46	3	20,0	1,53	1	14	4	0,21	0,03
42	1	56	6	15,0	1,61	4	46	6	20,0	1,53	3	56	7	0,18	0,03
43	3	35	4	15,0	1,61	2	62	3	21,0	1,53	5	31	7	0,21	0,03
44	1	14	3	18,0	1,60	2	62	7	21,0	1,53	1	89	4	0,17	0,03
45	2	85	5	17,5	1,60	5	31	1	19,5	1,53	2	35	6	0,16	0,03
46	4	50	4	18,0	1,60	4	73	1	20,0	1,52	1	4	7	0,19	0,03
47	5	50	4	18,0	1,59	4	73	3	20,0	1,52	3	7	1	0,20	0,03
48	2	56	6	15,0	1,58	3	4	4	21,0	1,52	1	56	1	0,17	0,03
49	3	4	4	17,0	1,57	3	4	6	21,0	1,52	1	14	2	0,20	0,03
50	5	73	2	17,5	1,56	4	31	3	19,0	1,51	3	56	4	0,17	0,03

4.5. Seleção pelo procedimento REML/BLUP

4.5.1. Estimativa dos parâmetros genéticos

4.5.1.1. Estimativas das variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais

Analisando o Quadro 12, pode-se observar que todas as características em estudo exibem níveis diferenciados de controle genético, o que mostra a magnitude das variâncias associadas, que não diferiram significativamente das encontradas pelo método de predição utilizado para seleção entre e dentro, e seleção combinada. Assim como mencionado anteriormente, a característica VOL não deve ser comparada à DAP e ou ALT, pois a primeira é função das duas últimas.

Quadro 12 – Estimativas das variâncias genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_{ee}^2$), e fenotípica dentro de família ($\hat{\sigma}_{fd}^2$), para as características DAP, ALT e VOL, para famílias de meios-irmãos de *E. urophylla*, aos 55 meses de idade

Variância	Característica		
	DAP	ALT	VOL
$\hat{\sigma}_a^2$	1,51	1,67	5×10^{-4}
$\hat{\sigma}_{ee}^2$	0,09	0,65	1×10^{-4}
$\hat{\sigma}_{fd}^2$	8,25	6,43	$2,2 \times 10^{-3}$
Média geral	12,09	16,62	$9,4 \times 10^{-2}$

Da mesma forma como para os dados obtidos pelo método da ANOVA, como os valores das estimativas de variâncias ambientais não diferiram significativamente, pode-se concluir que há uma baixa magnitude para o efeito de ambiente e uma boa eficiência em termos de precisão experimental.

4.5.1.2. Estimativas de herdabilidade

As estimativas de herdabilidade, em nível de médias de família, de plantas dentro de famílias, para seleção de indivíduos para as características DAP, ALT e VOL podem ser observadas no Quadro 13.

Quadro 13 – Estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito, em nível de planta dentro de família (h_d^2), e de médias de famílias (h_m^2), associada ao método BLUP, para as características em estudo, nas famílias de meios-irmãos de *E. urophylla*, aos 55 meses de idade

Coeficiente de herdabilidade	Características		
	DAP	ALT	VOL
h_d^2	0,18	0,26	0,24
h_m^2	0,67	0,64	0,72

Os coeficientes de herdabilidade em nível de indivíduo, para todas as características foram baixos e os valores dos coeficientes de herdabilidade a nível de médias de famílias ou parcelas apresentaram magnitudes moderadas, revelando presença de considerável variabilidade genética na população, e indicando que os ganhos com a seleção serão maiores entre famílias.

Comparando-se os valores de herdabilidade aqui encontrados, com os obtidos no método anterior, observa-se que, tanto para valores a nível de médias de famílias quanto a nível de plantas dentro de famílias, os encontrados no método anterior (pela ANOVA) foram sempre superiores, o que possivelmente contribuirá para maiores valores de ganhos.

4.5.2. Seleção pelo BLUP Individual

No Quadro 14 estão apresentados os dados referentes à população de melhoramento estudada, bem como os valores genéticos associados aos cinquenta melhores indivíduos para cada uma das características estudada. Nestes quadros verificou-se, com exceção da característica DAP, que os melhores indivíduos possuem valores fenotípicos bem maiores que a média inicial geral apresentada no Quadro 1, além de todos apresentarem valores genotípicos muito alto, indicando que a seleção desses indivíduos conduzirá a progressos genéticos consideráveis.

Comparando-se o quadro 14, com o quadro 11, observa-se que apesar do baixo número de famílias apresentadas nos quadros, encontrou-se grande equivalência entre os resultados, tanto com relação às famílias quando os indivíduos dentro das mesmas, além da coincidência na sequência dos selecionados; porém os valores genéticos estimados pela seleção combinada foram sempre superiores.

No Quadro 15 estão apresentados as famílias selecionadas pelo procedimento BLUP, considerando uma porcentagem de seleção de 25%, ordenada pelo valor genético aditivo predito cada uma das características estudadas.

Quadro 14 – Valores fenotípicos individuais (VF) e valores genéticos (VG) sobre as característica diâmetro a altura do peito (DAP), altura total (ALT) e característica volume total (VOL), a nível de indivíduos, para famílias de meios-irmãos de *E. urophylla*, aos 55 meses de idade

Ordem	DAP			ALT			VOL								
	Bloco	Fam.	Ârv.	VF	VG	Bloco	Fam.	Ârv.	VF	VG	Bloco	Fam.	Ârv.	VF	VG
1	4	56	1	20,5	2,28	2	89	6	23,0	2,08	4	56	1	0,30	0,06
2	4	56	5	19,0	2,06	4	89	3	21,0	1,93	4	33	8	0,33	0,05
3	4	56	8	18,5	1,99	5	31	4	21,5	1,89	3	35	6	0,23	0,04
4	1	6	3	20,5	1,91	5	31	5	21,5	1,89	4	89	3	0,24	0,04
5	3	35	6	18,5	1,91	4	31	4	21,0	1,89	5	35	1	0,23	0,04
6	2	56	3	17,5	1,87	2	79	6	22,5	1,86	1	35	5	0,22	0,04
7	3	56	8	17,0	1,83	2	31	2	21,0	1,83	3	85	5	0,24	0,04
8	4	35	8	18,5	1,83	3	73	4	21,0	1,82	4	35	8	0,22	0,04
9	5	35	1	18,5	1,83	5	31	7	21,0	1,78	1	6	3	0,26	0,04
10	1	56	1	17,0	1,82	2	73	8	21,5	1,77	4	56	8	0,22	0,04
11	3	56	4	16,5	1,76	2	62	4	22,0	1,76	2	89	3	0,23	0,04
12	1	35	5	17,5	1,73	3	31	2	20,0	1,69	2	89	6	0,23	0,04
13	4	33	8	22,0	1,73	3	31	7	20,0	1,69	2	35	4	0,20	0,04
14	2	35	4	17,5	1,72	1	89	7	21,0	1,67	5	62	2	0,26	0,04
15	3	56	2	16,0	1,69	5	31	2	20,5	1,66	4	61	5	0,25	0,04
16	3	85	5	18,0	1,61	5	31	3	20,5	1,66	4	73	1	0,22	0,04
17	1	56	4	15,5	1,60	4	31	2	20,0	1,66	4	56	5	0,21	0,04
18	5	6	6	18,5	1,59	3	62	8	21,5	1,64	2	50	4	0,23	0,04
19	3	7	1	18,0	1,59	3	85	5	22,0	1,64	1	4	3	0,21	0,04
20	5	56	5	15,5	1,57	4	78	6	23,0	1,61	2	73	8	0,21	0,04
21	4	7	3	18,0	1,55	2	31	3	20,0	1,59	3	69	8	0,23	0,04
22	1	56	5	15,0	1,53	2	31	6	20,0	1,59	1	35	6	0,18	0,03
23	1	56	6	15,0	1,53	2	31	8	20,0	1,59	2	56	3	0,19	0,03
24	5	4	2	18,0	1,52	4	89	4	19,5	1,58	3	4	4	0,21	0,03

Quadro 14 - Continuação

Ordem	DAP			ALT			VOL								
	Bloco	Fam.	Árv.	VF	VG	Bloco	Fam.	Árv.	VF	VG	Bloco	Fam.	Árv.	VF	VG
25	1	35	6	16,0	1,51	4	89	7	19,5	1,58	2	62	4	0,23	0,03
26	1	35	7	16,0	1,51	3	31	8	19,5	1,57	5	4	2	0,21	0,03
27	2	56	6	15,0	1,51	5	89	4	21,0	1,57	5	6	6	0,23	0,03
28	4	73	1	18,0	1,50	1	46	3	21,0	1,56	5	89	7	0,20	0,03
29	2	35	6	16,0	1,50	1	46	7	21,0	1,56	5	73	5	0,20	0,03
30	2	50	4	18,5	1,50	1	89	2	20,5	1,56	5	73	2	0,20	0,03
31	2	85	5	17,5	1,49	4	31	1	19,5	1,54	5	50	4	0,21	0,03
32	1	4	3	17,5	1,49	4	31	8	19,5	1,54	3	56	8	0,18	0,03
33	1	4	8	17,5	1,49	3	62	7	21,0	1,52	5	69	3	0,22	0,03
34	4	89	3	18,5	1,49	2	62	3	21,0	1,52	4	74	5	0,23	0,03
35	1	14	2	18,5	1,48	2	62	7	21,0	1,52	4	7	3	0,21	0,03
36	1	14	4	18,5	1,48	4	81	2	23,0	1,5	4	50	5	0,20	0,03
37	2	89	3	18,5	1,47	3	57	7	21,5	1,5	5	31	7	0,21	0,03
38	4	35	2	16,0	1,47	5	62	2	21,0	1,5	3	56	4	0,17	0,03
39	3	69	8	19,0	1,46	1	73	8	19,5	1,49	1	56	1	0,17	0,03
40	3	4	4	17,0	1,44	3	50	4	21,0	1,48	5	89	6	0,19	0,03
41	2	56	5	14,5	1,43	2	31	5	19,5	1,48	2	85	5	0,19	0,03
42	4	50	5	18,0	1,43	4	46	5	20,5	1,47	1	4	8	0,19	0,03
43	5	50	4	18,0	1,43	5	73	2	20,5	1,47	4	35	2	0,17	0,03
44	5	73	5	17,5	1,42	4	89	2	19,0	1,46	1	35	7	0,16	0,03
45	4	6	2	17,0	1,41	4	62	3	19,5	1,46	1	14	4	0,21	0,03
46	4	56	3	14,5	1,41	3	31	4	19,0	1,45	4	35	1	0,17	0,03
47	1	14	3	18,0	1,41	5	89	6	20,5	1,45	2	79	6	0,21	0,03
48	4	35	1	15,5	1,40	5	89	7	20,5	1,45	2	66	4	0,22	0,03
49	3	35	5	15,0	1,40	3	46	5	19,5	1,43	3	7	1	0,20	0,03
50	5	35	2	15,5	1,40	4	73	1	20,0	1,43	2	35	6	0,16	0,03

Quadro 15 – Valores genéticos aditivos preditos (VG), sobre as características diâmetro a altura do peito (DAP), altura total (ALT) e característica volume total (VOL), a nível de famílias de meios-irmãos de *E. urophylla*, aos 55 meses de idade

Ordem	DAP		ALT		VOL	
	Família	VG	Família	VG	Família	VG
1	56	2,57	31	2,55	35	0,04
2	35	2,20	89	2,02	56	0,04
3	85	1,71	73	1,99	89	0,04
4	7	1,68	46	1,93	73	0,03
5	6	1,64	62	1,53	4	0,03
6	4	1,63	85	1,46	85	0,03
7	73	1,58	4	1,43	31	0,03
8	50	1,40	50	1,41	50	0,03
9	89	1,32	9	1,38	7	0,03
10	34	1,30	74	1,24	18	0,03
11	14	1,29	18	1,23	6	0,02
12	18	1,19	69	1,18	69	0,02
13	16	1,19	35	1,16	34	0,02
14	31	1,15	94	1,15	79	0,02
15	69	1,07	49	1,15	14	0,02
16	61	1,02	79	1,15	62	0,02
17	66	0,92	66	1,12	61	0,02
18	37	0,88	51	1,08	46	0,02
19	5	0,87	57	1,02	16	0,02
20	46	0,84	100	0,93	66	0,02
21	94	0,83	48	0,83	33	0,02
22	79	0,83	59	0,78	57	0,02
23	8	0,77	78	0,77	74	0,02
24	74	0,77	13	0,73	94	0,01
25	33	0,74	14	0,72	55	0,01

Analisando os Quadros 15 nota-se que entre as 25 famílias selecionadas para cada característica, algumas não coincidem entre uma seleção e outra, o que não é surpresa, pois como a correlação entre as características apesar de serem altas, não correspondem à unidade sempre

existirá a chance de uma família ser selecionada para uma característica e não ser para outra, sendo que essa diferença tende a ser maior à medida que se aumenta a intensidade de seleção entre famílias.

No Quadro 16, são apresentados os ganhos totais obtidos com todos os critérios de seleção estudados (seleção entre e dentro, combinada e pelo BLUP), para as características em estudo, considerando uma intensidade de seleção de 25 % entre famílias, o que equivale a 25 famílias das 100 utilizadas no presente trabalho.

Quadro 16 – Estimativas da médias dos indivíduos selecionados e dos ganhos esperados à seleção entre e dentro, combinada e pelo BLUP, para as características de DAP, ALT e VOL, para famílias de meio-irmãos de *E. urophylla*, aos 55 meses de idade, analisando dados desbalanceados

Estratégia de Seleção		Característica		
		DAP	ALT	VOL
Seleção entre e dentro	MS	13,15	17,69	0,112
	GS	0,40	0,40	0,015
	GS(%)	3,37	2,37	11,01
Seleção Combinada	MS	16,02	19,93	0,180
	GS	1,34	1,31	0,033
	GS(%)	11,11	7,88	31,94
BLUP	MS	15,97	19,90	0,175
	GS	1,32	1,30	0,027
	GS(%)	10,93	7,81	31,70

Assim como mencionado no Quadro 10 , verifica-se ganhos positivos para todas as características, e novamente observa-se que os maiores ganhos foram obtidos com a seleção combinada e pelo método BLUP, para todas as características em estudo.

5. CONCLUSÕES

Com base nas análises realizadas, evidenciaram-se os seguintes resultados:

Considerando os dados utilizados nos critérios de seleção entre e dentro e seleção combinada

- As características estudadas (DAP, ALT e VOL), exibiram variabilidade genética significativa, e todas apresentaram médias dentro dos padrões, compatíveis tanto com a espécie em questão quanto outras largamente utilizadas em programas de melhoramento florestal no Brasil.
- Quanto à variabilidade genética, todas apresentaram níveis diferenciados, sendo que VOL demonstrou maiores variabilidades, conforme ilustrado pelos seus valores de coeficientes de variação genético.
- Os valores de herdabilidade em nível de médias de família foram bem próximos para as características estudadas, apresentando valores entre famílias de 0,60 a 0,63, e dentro de famílias entre 0,15 e 0,20. Além da proximidade entre os valores de herdabilidade em nível de blocos e de experimento, evidenciando que os fatores ambientais (bloco ou experimento) não interferiram na seleção propriamente dita.

- Os dois critérios de seleção mostraram-se eficientes para aplicação no melhoramento de *eucalyptus*, para todas as características avaliadas. Mas os maiores ganhos genéticos foram proporcionados pela seleção combinada.
- A seleção entre médias de famílias proporcionou ganhos diretos que variaram de 3,668 para ALT a 12,669 para VOL, e indiretos que variaram de 3,912, quando a seleção foi em ALT e a resposta em DAP, a 5,286, quando a seleção foi em sobre VOL e o ganho em DAP. E a seleção dentro de família, produziu ganhos diretos, que variaram de 2,231 para ALT a 9,166 para VOL, e indiretos que variaram de 2,391 para seleção em ALT e ganho em DAP, a 4,239 para seleção em VOL e ganho em DAP. Para ganhos totais obteve-se melhores resultados quando a seleção foi direta sobre VOL, confirmando ser a característica silvicultural mais apropriada para seleção tanto para se obter ganhos diretos sobre ela quanto indiretos sobre as outras características estudadas.
- A seleção combinada utilizando o índice proposto por PIRES (1996) proporcionou os melhores ganhos, que variaram de 7,8809 para ALT 29,91 para VOL, sendo ambos os ganhos muito superiores aos obtidos com a seleção entre e dentro.

Considerando os dados utilizados e obtidos pela metodologia de modelos mistos (procedimento REML/BLUP)

- Este critérios de seleção mostrou-se eficientes para aplicação no melhoramento de eucalipto, para todas as características avaliadas, apresentando ganhos genéticos iguais estatisticamente à seleção combinada encontrados.

Assim pode-se concluir que tanto a seleção entre e dentro quanto o BLUP e Combinada oferecem estimativas precisas, porém quando se utiliza REML/BLUP ou seleção combinada, os ganhos são significativamente maiores, mostrando uma maior eficiência na escolha dos melhores indivíduos dentro da população.

6. REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

- ANDERSON, R.D. **Variance components. In: USE of mixed models for prediction and for estimation of (co)variance components.** University of New England, AGBU, 1984. p. 77-145.
- ASSIS, F. T. **Cultura do eucalipto : melhoramento genético do eucalipto.** Belo Horizonte: **Inf. Agropecuário**, v. 141, p.36-46, 1986.
- ASSIS, F.T. **Produção de híbridos interespecíficos em Eucalyptus spp. In: REUNLÃO SOBRE TÉCNICAS PARA PRODUÇÃO DE HÍBRIDOS,** Piracicaba, 1987. **Anais....** Piracicaba: IPEF, p.2-5. 1987.
- BAKER, R. J. **Selection indices in breeding.** Boca Raton: CRC Press, 1986. 218p.
- BEAUMONT, C. **Comparison of Henderson's method 1 and restricted maximum likelihood of genetic parameters of reproductive traits. Poultry Sei., v.70, p. 1462-1468, 1991.**
- BOLDMAN, K.G., KRIESE L.A., Van VLECK, L.D., Van TASSELL, C.P., KACHMAN, S.D. **A Manual for Use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and covariance [Draft].** Lincoln, U.S. Department of Agriculture, **Agriculture Research Service**, 1995. 115p.
- BOLDMAN, K.G., KRIESE, L.A., VAN VLECK, L.D. et alii. **A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances.** Lincoln: Department of Agriculture, **Agricultural Research Service**, 1993. 120 p.
- BONOMO, P. **Metodologias biométricas para seleção de progênie no melhoramento genético do cafeeiro.** Viçosa, 124p. Tese (Doutorado em Genético e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 2002.

- BUENO FILHO, J. S. S. **Uso de modelos mistos no melhoramento de populações florestais**. Piracicaba, 1997, 160p. Tese (Doutorado em Genética) – Escola Superior de agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- CORBEIL, R.R., SEARLE, S.R. A comparison of variance component estimators. **Biometrics**, v. 32, n. 04, p. 779- 791, 1976.
- COTTERILL, P.P. Genetic gains expected from alternativo breeding strategies induding low cost options. **Silvae Genética**, v.35, p.212-23, 1986.
- COTTERILL, P.P., DEAN, C.A. **Succosafui trea breeding with indox selection**. Melbaume: CSIRO, 1990. 80p.
- CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. **Modelos bioinétricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, UFV, 1994. 520p.
- CRUZ, C.D. **Programa genes**: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 648p.
- CUNNINGHAM, E.P., HENDERSON, C.R. An iterative for estimating fixed effects and variance components in mixed model situations. **Biometrics**, v. 24, p. 13-25, 1968.
- CUNNINGHAM, E.P. **Animal meding theorg**. OSLO: Landbruksbokhandlen Universitetsforlaget, 1969. 272 p.
- DIAS, L. A. S.; RESENDE, M.D.V. Estratégias e métodos de seleção. In: DIAS, L. A. S. (Ed.). **Melhoramento genético do cacauero**. Viçosa: FUNAPE, 2001. p . 217-287.
- DITLEVISEN, 8. Genética quantitativa: princípios generales y sua aplicación pratica en la meorade arboles florestales. In: **FAO.DANIDA**, MEJORA GENÉTICA DE LOS RBOLESFORESTALES. Roma,p.177-88.1980.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1981. 279p.
- FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman, 1989. 438p.
- FARIAS NETO, J. T.; RESENDE, M. D. V. Predição de valores genéticos e estimação de componentes de variância em pupunheira (*Bactris gasipaes*) pela metodologia BLUP/REML com ênfase na produtividade de palmito. **Genetics and Molecular Biology**, v. 23, n. 3, suppl., p. 533, 2000.;

- FERRAZ, J.B.S., JOHNSON, R.K. Animal model estimation of genetic parameters and response selection for litter size and weight, growth and backfat in closed seedstock populations of Large White and Landrace swine. **J. Anim. Sci.**, v. 71, n. 4, p. 850-858, 1993.
- FINS, L., FRIEDMAN, S.T., BROTSCHOL, J. V. **Quantitative forest genetics**. London: Kluwer Academic Publishers, 1992. 403p.
- FONSECA, S.M. Estimação e interpretação dos componentes de variação total em experimentos de melhoramento florestal. In: Práticas Experimentais em Silvicultura. Piracicaba: **IPEF**, p.HI-H20.1979,
- FRANKLIN, E.C. **Use of quantitative genetics in planning multiple-trait breeding**. In: THIRD WORLD CONSULTATION ON TREE BREEDING. v.2. Camberra, p.1149-56. 1977.
- GARCIA, C. H. **Tabelas para classificação do coeficiente de variação**. Piracicaba: IPEF, 1989. 11p. (Circular Técnica, 171).
- GRAZER, H.U., SMITH, S.P., TIER, B. A derivative-free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood. **J. Anim. Sci.**, v. 64, n. 5, p. 1362-1370, 1987.
- HARTLEY, H.O., PAO, J.N.K. Maximum-likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. **Biometrika**, v. 54, p. 93-108, 1967.
- HENDERSON, C. R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, v. 9, p, 226-252, 1953.
- HENDERSON, C.R. Best linear unbiased prediction of breeding values not in the model for records. **J. Dairy Sci.**, v. 60, p. 783-787, 1977.
- HENDERSON, C.R. General flexibility of linear model for sire evaluation. **J. Dairy Sci.**, v. 57, p. 963-972, 1974.
- HENDERSON, C.R. Recent developments in variance and covariance estimation. **J. Anim. Sci.**, v. 63, p. 208, 1986.
- HENDERSON, C.R. Selection index and expected genetic advance. In: **STATISTICAL genetics and plant breeding**., Washington, DC: NAS/NRC, 1963. p. 141-163.
- HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. In: Proceedings of the animal breeding and genetics symposium in honor of Dr. J.L. Lush., Champaign: **ASAS/ADSA**, 1973. p. 10-4 1.
- HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984. 462 p.

- HIGA, A.R., RESENDE, M.D.V., SOUZA, S.M. **Programas de melhoramento genético de Eucalyptus no Brasil**. Curitiba, CNPF - EMBRAPA, 1992. s.p.
- ILEIRA DE ZOOTECNIA, 32, 1995, Brasília. **Anais...** Brasília: SBZ, 1995. p. 721-722.
- KAGEYAMA, P.Y. **Variação genética em progênies de uma população de Eucalyptus grandis Hill ex. Maiden**. Piracicaba, 125p. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz]USP, 1980.
- KAGEYAMA, P.Y. **Variação genética entre procedências de Pínus oocarpa Schiedo, na região de Agudos - São Paulo**. Piracicaba, 83p. Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético). Escola Superior de Agricultura de Luiz de Queiroz]USP, 1977.
- KIKUTI, P. **Parâmetros genéticos em progênies de meios-irmãos o clonais numa população de E. grandis (Hill) Maiden na região de Telemaco Borba - PR**. Piracicaba, 111 gp. Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz/UFV, 1988.
- LOPES, P.S., FREITAS, R.T.F., FERREIRA, A.S. **Melhoramento de suínos**. Viçosa, MG: UFV, 1994b. 39p.
- LOPES, P.S., MARTINS, E.N., SILVA, M.A. et alii. **Estimação de componentes de variância**. Viçosa-MG: UFV, 1993. 61 p.
- MARTINS, F.C.G., IKEMORI, Y.K. Produção de híbridos de eucalipto na Aracruz. In: Reunião sobre Técnicas para produção de Híbridos, Piracicaba, 1987- **Anais** Piracicaba: IPEF, 1987, p.48-62.
- MEYER, K. Between algorithms: A "Short Cut" restricted maximum likelihood procedure to estimate variance components. **J. Dairy Sci.**, v. 69, n. 7, p. 1904- 1916, 1986.
- MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genet. Sci. Evol.**, v. 23, p. 67-83, 1991.
- MEYER, K. Restricted maximum likelihood to estimate variance components for animal models with several random effects using a derivative-free algorithm. **Genet. Sci. Evol.**, v. 21, p. 317-340, 1989.
- MORAES, M.L.T. **Variação genética da densidade básica da madeira em progênies de Eucalyptus grandis Hill ex Maiden o suas relações com as características de crescimento**. Piracicaba, 115p. Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz IUSP, 1987.

- MORAES, O. P. de. **Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamentos, usando macho-esterilidade.** Viçosa, UFV, 1992. 251p. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético). Universidade Federal de Viçosa, 1992.
- NAMKOONG, G. Inbreeding, hybridization and conservations in provenances of tropical trees. In: JOINT MEETING OF WORKING PARTIES ON PROVENANCE AND GENETIC IMPROVEMENT STRATEGIES IN TROPICAL FOREST TREES. Mutare, Zimbabwe, 1984, 7p. (Separata)
- NAMKOONG, G., KANG, H. C., BROUARD, J. S. **Tree breeding: principles and strategies.** New York: Springer-Verlag, 1988. 180p.
- PAIVA, J. R.; RESENDE, M. D. V.; CORDEIRO, E. R. Índice multi-efeitos (BLUP) e estimativas de parâmetros genéticos aplicados ao melhoramento da acerola. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n.6, p. 799-807, 2002.
- PATINO-VALERA, F. **Variação genética em progênies de Eucalyptus saligna Smith e sua interação com o espaçamento.** Piracicaba, 192p. Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1986.
- PATTERSON, H.D., THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block size are unequal. **Biometrika**, v. 58, ri. 3, p. 545-554, 1971.
- PAULA, R.C. **Avaliação de diferentes critérios de seleção aplicados em melhoramento florestal.** Viçosa, MG: UFV, 1997. 74p. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) – Universidade Federal de Viçosa, 1997.
- PIRES, I.E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de Eucalyptus spp.** Viçosa, 116p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- PIRES, I.E. **Variabilidade genética em progênies de uma população de algaroba Prosopis juliflora (S.W.) D.C. da região de Soledade - Paraíba.** Piracicaba, 94p. Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1984.
- RAMALHO, M.A.P. Emprego da seleção recorrente no melhoramento de essências florestais. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE PESQUISA FLORESTAL, 1, Belo Horizonte, 1993. **Anais...** Belo Horizonte, SIF, p.2137. 1993.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes.** Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.

- RESENDE, M.D.V.; FERNANDES, J.S.C. Procedimento BLUP individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**. São Paulo, v. 17. P. 89-107, 1999.
- RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A . S. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REM/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 22, n. 1, p. 44-52, 2000.
- RESENDE, M.D.V.; FURLANI JÚNIOR, E.; MORAES, M. L. T.; FAZUOLI, L. C. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, v. 60, n. 3, p. 185-193, 2001.
- RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R.; LAVORANTI, O. J. Predição de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus* – melhor predição linear. In: **Congresso Florestal Brasileiro**, 7., 1993, Curitiba. Anais..., Curitiba: SBS, 1993. p. 144-147.
- RESENDE, M. D. V.; PRATES, D. F.; JESUS, A.; YAMADA, C. K. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viesada (BLUP) em *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 32/33, p. 18-45, jan./dez. 1996.
- ROBINSON, N.F., COCKERHAN, C. **Estimacion y significacion de tos parâmetros** , 1965.
- SEARLE, S.R. Linear models. New York: **John Wiley**, Sons, 1971. 532p.
- SALES, J., HILL, W.G. **Effect of sampling erros on efficieney of selection indices**. Anim. Pmd., v. 22, p. 1 17, 1976.
- SILVA, J.F. Estratégia de melhoramento para a qualidade: carvão vegetal. In: SIMPÓSIO IPEF: A REENGENHARIA E SEUS IMPACTOS NO DESENVOLVIMENTO CIENTIFICO E TECNOLÓGICO DO SETOR FLORESTAL, 6, Piracicaba, 1996, **Anais** Piracicaba: IPEFILCFIESALQ/USP, v.3, p.5-14,1996.
- SILVA, M.A **Melhoramento animal: métodos de estimação de componentes genéticos**. Viçosa, MG: UFV, 1980. 49p.
- SILVA, M.A. **índices de seleção**. Viçosa MG: UFV, 1980. 65 p.
- SILVA, M.A. **Métodos de seleção**. Viçosa-MG: UFV, 1982. 51 p.
- SILVA, R.G. Métodos de genética quantitativa aplicados ao melhoramento animal. Ribeirão Preto: **Sociedade Brasileira de Genética**, 1982. 162p.

- SORENSEN, D.A., KENNEDY, B.W. Estimation of genetic variances from unselected and selected populations. **J. Anim Sci.**, v. 59, p. 1213-1223, 1984.
- STEEL, R.G.D., TORRIE, J.H. Bioestatística: princípios y procedimientos 2.ed., Bogotá, **McGraw-Hill**. 1985. 622p.
- STEEL, R. G. D., TORRIE, J. H., DICKEY, A. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. (3ª ed.) New York: McGraw-Hill, 1997. 666p.
- VALENTE, J. **Multiple tmit variance-covariance component estimation procederes with missing information for some traits**. Iowa State University, Ames, Iowa: 143 p. (Tese de Doutorado). Iowa State University, 1988.
- VITAL, B.R., ALMEIDA, J. de, VALENTE, O . F. et al. Características de crescimento das árvores e de qualidade da madeira de *Eucalyptus camudulensis* para a produção de carvão. Piracicaba: **IPEF**, n47, p.22-28, 1984.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Coord.). Melhoramento o Produção de milho no Brasil. Piracicaba: **Fund. Cargili**, 1987. p. 137-214.
- VENCOVSKY, R. Genética Quantitativa. Cap. 1. In: KERR, W. E. (Coord.) Melhoramento o genética. São Paulo, **Melhoramentos**, 1969. p.17-38.
- VENCOVSKY, R., BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 406p.
- WHITE, T. **Advanced-generation breeding population: Size and atructuro**. Gainesville: Dep. of For., University of Florida, 1992. 1 Sp. (Datilografado).
- WILLHAM, R.L. The covariance between relatives for characters composed of components contributed by related individuais. **Biometrics**, v. 19, n. 1, p. 1826, 1963.
- WRIGHT, J. **Introduction to forest genetics**. New York: Academic Press, 1976. 463p.