

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CENTRO DE CIÊNCIAS FLORESTAIS E DA MADEIRA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA FLORESTAL

AVALIAÇÃO GENÉTICA SOB HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIA
RESIDUAL DENTRO DE TRATAMENTOS

DIEGO TYSZKA MARTINEZ

CURITIBA
2010

DIEGO TYSZKA MARTINEZ

AVALIAÇÃO GENÉTICA SOB HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIA
RESIDUAL DENTRO DE TRATAMENTOS

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal do Setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná, como requisito parcial à obtenção do título de Doutor em Ciências Florestais, área de concentração em Silvicultura.

Orientador: Marcos Deon Vilela de Resende

CURITIBA

2010

A minha avó Marta (*in memorian*);

Aos meus pais Acir (*in memorian*) e Lourdes;

A minha esposa Michelle;

Aos irmãos Fabíola e Marco e as minhas sobrinhas Millena e Letícia;

Pelo amor, carinho, compreensão, apoio, incentivo, paciência e por tudo que são e representam para mim.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

- A Deus, pela presença na minha vida, por me permitir fazer algo que gosto e por mais esta conquista.
- Ao Professor Dr. Marcos Deon Vilela de Resende pelas oportunidades, ensinamentos, dicas e pela orientação deste trabalho.
- Ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal da Universidade Federal do Paraná pela oportunidade.
- Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, Genética e Estatística da Universidade Federal do Paraná pelos ensinamentos, apoio e amizade.
- Aos funcionários do Centro de Ciências Florestais e da Madeira, em especial a Bibliotecária Tânia de Barros Baggio e aos secretários do curso de Pós-Graduação em Engenharia Florestal da Universidade Federal do Paraná, Reinaldo Mendes de Souza e David Teixeira de Araújo, pelo apoio e auxílio.
- A Banca Examinadora, composta pelos pesquisadores Dr. José Alfredo Sturion, Dr. Reginaldo Brito da Costa, Dr. Paulo Eduardo Telles dos Santos e Dr. Antonio Rioyei Higa, pela atenção dispensada e pelas preciosas dicas que contribuíram na melhoria deste trabalho.
- Aos amigos do LAMEF, pela amizade e agradável convivência.
- A Dona Carmen, pelo carinho, apoio e ajuda que sempre tem fornecido aos integrantes do LAMEF.
- Ao Professor Dr. Antonio Rioyei Higa, pelos ensinamentos, oportunidades, incentivo e amizade.
- Aos colegas de Pós-Graduação que de maneira direta ou indireta, através de discussões contribuíram com comentários e sugestões.
- A empresa Klabin, pelo apoio e fornecimento dos dados para que este trabalho pudesse ser desenvolvido, em especial ao Glêison Augusto dos Santos e a Ivone Satsuki Namikawa Fier, pelo fornecimento dos dados e contribuições fornecidas neste trabalho.

- As instituições Embrapa Florestas e FUPEF que, de diferentes formas colaboraram para a realização deste estudo.
- A CAPES pela concessão da bolsa de estudos.
- A minha esposa Michelle pelo amor, apoio, carinho, paciência e compreensão durante a realização deste trabalho.
- A minha família, em especial Lourdes, Fabíola, Marco, Millena, Letícia, Rosita e Elizeu, pela paciência, compreensão, apoio, incentivo e pelos agradáveis momentos que passamos juntos.
- Aos irmãos que a vida me deu, pelos momentos de descontração e pela amizade.
- A todos que, de alguma forma, contribuíram para a realização deste trabalho.

Muito Obrigado!

SUMÁRIO

LISTA DE QUADROS E TABELAS	vii
RESUMO	1
ABSTRACT	2
CONSIDERAÇÕES INICIAIS	3
CAPÍTULO 1: MÉTODOS DE PREDIÇÃO E EFEITOS DA HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS RESIDUAIS DENTRO DE TRATAMENTOS GENÉTICOS	7
1. INTRODUÇÃO.....	8
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	12
2.1 GERAÇÃO DOS NÚMEROS ALEATÓRIOS	12
2.2 PREDIÇÃO DOS VALORES GENÉTICOS PELOS PROCEDIMENTOS BLUP E BLUP-HET	14
2.3 COMPARAÇÃO DOS PROCEDIMENTOS BLUP E BLUP-HET	18
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	20
4. CONCLUSÕES	30
CAPÍTULO 2: AVALIAÇÃO GENÉTICA DA HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS RESIDUAIS E DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES EM PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE <i>Pinus taeda</i> L.	31
1. INTRODUÇÃO	32
2. MATERIAL E MÉTODOS	34
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	40
3.1 ANÁLISE POR LOCAL	40
3.2 ANÁLISE CONJUNTA	48
3.3 ESTIMATIVA DO GANHO DE SELEÇÃO	58
4. CONCLUSÕES	60
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	61

LISTA DE QUADROS E TABELAS

CAPÍTULO 1

TABELA 1 -	DISTRIBUIÇÃO DAS VARIÂNCIAS GENÉTICAS E RESIDUAIS E HERDABILIDADES ASSOCIADAS A CADA COMBINAÇÃO DE GENÓTIPOS, PARA O RESPECTIVO GRUPO DE CLONES	13
TABELA 2 -	RESUMO DOS DADOS NA GERAÇÃO DAS VARIÂNCIAS, CONSIDERANDO 20 BLOCOS, 100 CLONES E UMA PLANTA POR PARCELA	14
TABELA 3 -	VALORES DE HERDABILIDADE (h^2), MÉDIA GERAL DO EXPERIMENTO, ERRO QUADRÁTICO MÉDIO (EQM), CORRELAÇÃO, ACURÁCIA ESPERADA E ESTIMADAS PELOS PROCEDIMENTOS BLUP E BLUP-HET, PARA AS 10 VARIÁVEIS SIMULADAS COM 2, 5, 10 E 20 BLOCOS	21
TABELA 4 -	MÉDIA E DESVIO PADRÃO DAS VARIÂNCIAS RESIDUAIS DENTRO DE CLONES ESTIMADOS PELO PROCEDIMENTO BLUP-HET PARA 2, 5, 10 E 20 BLOCOS	23
TABELA 5 -	MÉDIA E DESVIO PADRÃO DAS HERDABILIDADES MÉDIAS DOS CLONES ESTIMADAS PELO PROCEDIMENTO BLUP-HET PARA 2, 5, 10 E 20 BLOCOS	23
TABELA 6 -	HERDABILIDADE ESPERADA E MÉDIA ESTIMADA POR NÚMERO DE REPETIÇÃO E POR CLONES OBTIDOS PELO BLUP-HET E HERDABILIDADE OBTIDA PELO BLUP	24
TABELA 7 -	VARIÂNCIA RESIDUAL ESPERADA E MÉDIA ESTIMADA POR NÚMERO DE REPETIÇÃO E POR CLONES	25
TABELA 8 -	GANHO DE SELEÇÃO (GS) E GANHO DE SELEÇÃO EM PORCENTAGEM (GS%) CONSIDERANDO OS 10 MELHORES CLONES (10% DE INTENSIDADE DE SELEÇÃO), CLASSIFICADOS PELO VALOR REAL E SEUS VALORES ESTIMADOS PELOS PROCEDIMENTOS BLUP E BLUP-HET	26
TABELA 9 -	GANHO DE SELEÇÃO (GS) E GANHO DE SELEÇÃO EM PORCENTAGEM (GS%) CONSIDERANDO OS 10 MELHORES CLONES (10% DE INTENSIDADE DE SELEÇÃO), CLASSIFICADOS PELO VALOR REAL E PELOS PROCEDIMENTOS BLUP E BLUP-HET E O NÚMERO DE CLONES COMUNS ENTRE OS VALORES REAIS E AS ESTIMATIVAS	28

CAPÍTULO 2

QUADRO 1 -	LOCALIZAÇÃO DAS FAZENDAS E O TIPO DO SOLO ONDE FORAM INSTALADOS OS EXPERIMENTOS COM <i>Pinus taeda</i> .	35
TABELA 1 -	COMPONENTES DE VARIÂNCIA ESTIMADOS EM CINCO DIFERENTES LOCAIS PARA A VARIÁVEL DAP EM PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i>	41
TABELA 2 -	COMPONENTES DE VARIÂNCIA ESTIMADOS EM CINCO DIFERENTES LOCAIS PARA A VARIÁVEL ALTURA EM PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i>	42
TABELA 3 -	RESULTADOS MÉDIOS, VARIÂNCIA, DESVIO PADRÃO, VALORES MÁXIMOS E MÍNIMOS OBTIDOS PARA A VARIÂNCIA RESIDUAL E HERDABILIDADE DAS PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i> POR LOCAL, PARA A VARIÁVEL DAP	44
TABELA 4 -	RESULTADOS MÉDIOS, VARIÂNCIA, DESVIO PADRÃO, VALORES MÁXIMOS E MÍNIMOS OBTIDOS PARA A VARIÂNCIA RESIDUAL E HERDABILIDADE DAS PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i> POR LOCAL, PARA A VARIÁVEL ALTURA.....	45
TABELA 5 -	VARIÂNCIAS RESIDUAIS DAS PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i> COM MENORES, INTERMEDIÁRIAS E MAIORES VARIÂNCIAS NA ANÁLISE CONJUNTA E POR LOCAL PARA A VARIÁVEL DAP	45
TABELA 6 -	EXEMPLO DE HERDABILIDADES INDIVIDUAIS POR PROGÊNIE E POR LOCAL, PARA A VARIÁVEL DAP, EM PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i>	46
TABELA 7 -	VALORES MÉDIOS, MÍNIMOS, MÁXIMOS E VARIÂNCIA DOS VALORES FENOTÍPICOS DAS PROGÊNIES 24, 41 E 10905, CONSIDERANDO TODOS OS EXPERIMENTOS, PARA DAP, EM PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i>	46
TABELA 8 -	CORRELAÇÃO ENTRE OS VALORES GENÉTICOS PREDITOS PELOS PROCEDIMENTOS BLUP E BLUP-HET POR LOCAL, PARA AS VARIÁVEIS DAP E ALTURA, EM PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i>	47
TABELA 9 -	CORRELAÇÃO ENTRE AS VARIÁVEIS DAP E ALTURA POR LOCAL, PARA O PROCEDIMENTO BLUP E PARA O PROCEDIMENTO PLUP-HET, EM PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i>	47
TABELA 10 -	COMPONENTES DE VARIÂNCIA ESTIMADOS ATRAVÉS DA ANÁLISE CONJUNTA PARA DAP E ALTURA EM PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i>	49
TABELA 11 -	CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE O COMPORTAMENTO DAS PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i> ATRAVÉS DOS LOCAIS TOMADOS DOIS A DOIS POR LOCAL, ENTRE LOCAIS E EM GRUPO	49

TABELA 12 -	VARIÂNCIA RESIDUAL E HERDABILIDADE PARA DAP, CONSIDERANDO OS 5 LOCAIS E TODAS AS PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i>	51
TABELA 13 -	VARIÂNCIA RESIDUAL E HERDABILIDADE PARA DAP, CONSIDERANDO AS 3 PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i> COM MENORES, MÉDIAS E MAIORES VARIÂNCIAS RESIDUAIS, CONSIDERANDO OS 5 LOCAIS AVALIADOS	51
TABELA 14 -	CLASSIFICAÇÃO DOS VALORES GENÉTICOS PELOS CRITÉRIOS DE PRODUTIVIDADE E ESTABILIDADE (MHVG) PARA DAP E ALTURA DAS 30 MELHORES PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i>	52
TABELA 15 -	CLASSIFICAÇÃO DOS VALORES GENÉTICOS PELOS CRITÉRIOS DE PRODUTIVIDADE E ADAPTABILIDADE (PRVGXMG) PARA DAP E ALTURA DAS 30 MELHORES PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i>	53
TABELA 16 -	CLASSIFICAÇÃO DOS VALORES GENÉTICOS PELOS CRITÉRIOS DE PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE (MHPRVGXMG) PARA DAP E ALTURA DAS 30 MELHORES PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i>	54
TABELA 17 -	CLASSIFICAÇÃO DOS VALORES GENÉTICOS ADICIONADOS DA INTERAÇÃO MÉDIA NOS VÁRIOS LOCAIS (U+G+GEM) PARA DAP E ALTURA DAS 30 MELHORES PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i>	55
TABELA 18 -	VARIÂNCIA RESIDUAL E HERDABILIDADE PARA DAP E ALTURA CONSIDERANDO TODOS OS LOCAIS EM CONJUNTO E TODAS AS PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i>	57
TABELA 19 -	VALOR MÉDIO PREDITO, GANHO DE SELEÇÃO (GS) E GANHO DE SELEÇÃO EM PORCENTAGEM (GS%) PARA AS VARIÁVEIS DAP E ALTURA, POR LOCAL E PARA OS PROCEDIMENTOS BLUP E BLUP-HET, CONSIDERANDO UMA INTENSIDADE DE 20% DE SELEÇÃO ENTRE PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i>	58
TABELA 20 -	VALOR MÉDIO PREDITO, GANHO DE SELEÇÃO (GS) E GANHO DE SELEÇÃO EM PORCENTAGEM (GS%) PARA AS VARIÁVEIS DAP E ALTURA, CONSIDERANDO UMA INTENSIDADE DE 20% DE SELEÇÃO ENTRE PROGÊNIES DE <i>Pinus taeda</i> , PELOS CRITÉRIOS DE PRODUTIVIDADE E ESTABILIDADE (MHVG), PRODUTIVIDADE E ADAPTABILIDADE (PRVG*MG), PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE (MHPRVG*MG) E PELOS VALORES GENOTÍPICOS (U+G+GEM)	59

Avaliação Genética sob Heterogeneidade de Variância Residual Dentro de Tratamentos

RESUMO

O objetivo dos programas de melhoramento é maximizar o ganho genético para características de valor econômico, com o uso de modelos estatísticos específicos, considerando o delineamento utilizado, buscando alta precisão experimental e acurácia seletiva elevada. Atualmente, o uso de modelos mistos tem sido mais indicado em programas de melhoramento genético, através da metodologia da máxima verossimilhança restrita (REML) para estimar os componentes de variância e melhor predição linear não viciada (BLUP), para a predição dos valores genéticos, pois atendem a situações de dados balanceados e desbalanceados. O BLUP considera os componentes de variância para todos os genótipos de forma igual. Em situações com heterogeneidade de variâncias, é preciso considerar a variância residual e estimar, para cada tratamento, as acurácias, coeficientes e herdabilidades. Esta metodologia está disponível através do BLUP-HET, que utiliza uma variância residual para cada tratamento genético. O presente estudo objetivou avaliar, em duas condições distintas, a heterogeneidade de variâncias residuais e comparar os resultados obtidos pelos procedimentos BLUP e BLUP-HET. Estas análises são apresentadas em dois capítulos. A primeira avaliação foi realizada através de simulação, com a geração de números aleatórios, considerando 10% de variância genética e variância residual variável, de forma que apresentassem heterogeneidade de variâncias e adicionados a média 10, obtendo-se assim o valor fenotípico. Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso, com 100 genótipos, uma planta por parcela e com 2, 5, 10 e 20 repetições. Os valores genotípicos preditos por cada metodologia foram comparados com os valores reais, assim como seu ganho genético esperado, para verificar em quais condições cada procedimento é melhor. Nas condições deste estudo, o uso de 2 e 5 repetições apresenta baixa precisão. O aumento do número de repetições reduz os desvios padrões das herdabilidades e das variâncias residuais dentro dos genótipos, melhorando as condições de estimação. Neste caso, recomenda-se o uso de 10 ou mais repetições para garantir uma maior precisão nas estimativas. Com herdabilidade próxima de 10%, o uso de 10 ou mais repetições não representa problema prático em casos de heterogeneidade de variâncias dentro de genótipos, podendo ser utilizado qualquer um dos métodos. Apesar disso, o procedimento BLUP-HET apresenta acurácias mais próximas do valor esperado, para a maioria dos casos avaliados, e estima o ganho com seleção mais próximo ao real. A segunda avaliação foi realizada com dados de diâmetro e altura de *Pinus taeda* L., em um teste com 150 progênies, plantados em blocos ao acaso, com 6 plantas por parcela e em 5 locais. Houve elevada heterogeneidade de variâncias em algumas análises, sugerindo o procedimento BLUP-HET como mais adequado, nestes casos. Apesar disso, devido ao número de repetições (5 a 9 por local), os procedimentos BLUP e BLUP-HET conduzem a resultados semelhantes. Houve interação genótipos x ambientes, porém, esta foi de baixa magnitude. Neste caso, pode-se adotar um único programa de melhoramento considerando todos os materiais genéticos avaliados.

Palavras-chave: Modelos lineares mistos. Parâmetros genéticos. Ganho com seleção.

Genetic Evaluation with Heterogeneity of Residual Variance Within Treatments

ABSTRACT

The aim of breeding programs is to maximize the genetic gain for characteristics of economic value, with the use of specific statistical models, considering the experimental design, searching high precision and high accuracy. Currently, the use of mixed models has been more indicated in breeding programs using the methodology of the restricted maximum likelihood (REML) to estimate variance components and best linear unbiased prediction (BLUP) for the prediction of genetic values, therefore pay attention to balanced and unbalanced cases. The BLUP considers the variance components for all genotypes equally. In situations with heterogeneity of variances, one must consider the residual variance and estimating, for each treatment, the accuracies, coefficients and heritabilities. This methodology is available through the BLUP-HET, which uses a residual variance for each genetic treatment. This study evaluated two conditions of heterogeneity of variance using BLUP and BLUP-HET in the prediction of genetic values. The first evaluation was performed through simulation with the generation of random numbers, considering 10% of genetic variance and residual variance variable with heterogeneity of variances, obtaining the phenotypic value. The block design was used, with 100 genotypes, one plant per plot and with 2, 5, 10 and 20 repetitions. The genotypic values predicted by each method were compared with the real values, as well as its expected genetic gain, to verify under what conditions each procedure is best. In this study, the use of 2 and 5 repetitions has low accuracy. The increase of the number of repetitions reduces the standard deviations of the heritabilities and the residual variances within genotypes, improving conditions for estimation. In this case, we recommend the use of 10 or more repetitions to ensure greater precision in the estimates. With heritability around 10%, use 10 or more repetitions is not a problem in cases of heterogeneity of variances within genotypes and can be used either method. Nevertheless, the BLUP-HET presents accuracies closer to the expected value, for most of the cases evaluated, and estimates the selection gain closer to reality. The second evaluation was performed with data of height and diameter of *Pinus taeda* L., in a test with 150 progenies, planted in blocks with six plants per plot and 5 places. There was high heterogeneity of variances in some analysis, suggesting the BLUP-HET as more appropriate in these cases. Nevertheless, due to the large number of repetitions, the procedures BLUP and BLUP-HET lead to similar results. There was genotype x environment interaction, but, this was of low magnitude. In this case, can adopt a single strategy for improvement considering all the genetic material evaluated.

Keywords: Linear mixed models. Genetic parameters. Selection gain.

CONSIDERAÇÕES INICIAIS

A produtividade florestal brasileira de madeira encontra-se entre uma das maiores no mundo, tanto no caso de espécies do gênero *Eucalyptus*, quanto para o gênero *Pinus*. Grande parte desta produtividade se deve a escolha certa das espécies e procedências no processo de introdução, de sua interação com o ambiente, aos tratamentos silviculturais, aos programas de melhoramento e ao uso de sementes melhoradas e clones.

O uso de sementes melhoradas e clones selecionados são de fundamental importância para a boa produtividade e qualidade da matéria-prima produzida pela floresta, proporcionando ganhos significativos quando comparados com a população original. Por isso, a qualidade genética deve ser uma preocupação de quem vai plantar florestas visando à produção de madeira, tendo em vista que, os plantios florestais levam alguns anos para gerar retorno econômico. No geral, os plantios florestais originados com sementes melhoradas ou clones apresentam maior homogeneidade, menor variabilidade e principalmente maior produção. Assim, os programas de melhoramento têm chamado grande atenção das empresas de base florestal. Porém, em programas de melhoramento genético, somente a classificação em relação ao método de produção de sementes não define sua qualidade KAGEYAMA (1979). Higa e Shimizu (1981) salientam que somente o tipo "Área de Produção" também não especifica a qualidade genética das sementes. Critérios como a origem do material genético, características do processo de seleção e as condições em que serão utilizadas são de fundamental importância para a escolha adequada da semente (KAGEYAMA, 1979; HIGA; SHIMIZU, 1981). Neste caso, podem-se acrescentar o delineamento experimental e a forma de análise como fatores que influenciam na seleção em um programa de melhoramento.

Os programas de melhoramento que, em geral, proporcionam um aumento significativo na produtividade ou na qualidade da madeira, dependem diretamente da qualidade do material genético avaliado e do delineamento experimental. Experimentos bem instalados, reduzindo as variações ambientais dentro de repetições, associados a materiais genéticos adequados proporcionam condições ideais de estimação dos parâmetros genéticos, dos valores dos genótipos e conseqüentemente da seleção para propagação vegetativa ou para a produção de sementes melhoradas. Para a adequada predição do ganho genético em um

programa de melhoramento, é fundamental a qualidade do experimento, tanto na implantação quanto na manutenção, para então se estimar os componentes de variância. Estes componentes de variância proporcionam ao melhorista identificar a parte da variação devida aos efeitos genéticos e a parte da variação que é devido aos efeitos ambientais e da interação genótipos x ambientes.

Entre os parâmetros genéticos, a herdabilidade é a principal característica para estimar o ganho genético, pois expressa a proporção da variância fenotípica que tem origem genética. Apesar de existirem diferentes tipos de herdabilidades, elas podem ser expressas como: herdabilidade no sentido amplo, que considera a variância genética total, sendo utilizado em casos de propagação vegetativa ou de autofecundação; herdabilidade no sentido restrito, quando se considera apenas a variância genética aditiva, sendo utilizado em casos de reprodução sexuada (IPEF, 1977).

Quando os experimentos são analisados em diferentes ambientes, se espera diferentes expressões dos genótipos nos locais. Em cada ambiente, um grupo de genótipos podem se desenvolver melhor que outros genótipos e de forma diferente que em outros ambientes. Quando esta diferença entre o crescimento dos genótipos é elevada, ocorre a interação entre o genótipo e o ambiente. Quando praticamente não há variação na ordem das melhores progênies para uma determinada característica e entre locais, a interação é nula ou baixa. A diferença no crescimento e na produtividade entre estes diferentes ambientes reflete diretamente na estimativa da herdabilidade. Segundo IPEF (1977), a herdabilidade não é um parâmetro fixo de uma característica, variando de acordo com o material genético e do ambiente, assim, uma mesma população em dois ambientes diferentes pode ter herdabilidades diferentes.

A estimativa dos parâmetros genéticos de forma adequada estava associada ao delineamento balanceado, utilizando a análise de variância (ANOVA). Tal balanceamento geralmente não ocorre em experimentos de campo, principalmente com grande número de plantas. Nos casos onde a mortalidade é elevada, as estimativas se tornavam imprecisas. Nestes casos, o uso da média de parcelas solucionava a perda de indivíduos, quando não ocorriam perdas de parcelas. No caso de perda de parcelas, o uso de técnicas como o de parcelas perdidas solucionava, em parte, estes problemas, porém, com menor precisão.

Com o surgimento de novas técnicas e com o advento da computação, novos procedimentos foram desenvolvidos, permitindo a análise de experimentos desbalanceados. Entre estes, o procedimento de máxima verossimilhança restrita (REML) tem sido mais utilizado, pois permite estimar os componentes de variância em casos desbalanceados. O REML foi criado pelos pesquisadores ingleses Desmond Patterson e Robin Thompson em 1971, sendo considerado como o procedimento padrão para a análise estatística (RESENDE, 2007b). No caso balanceado, o método REML gera resultados iguais ao método da ANOVA.

Com a melhoria das estimativas e disponibilidade do REML, surgiu o procedimento de melhor predição linear não viciada (BLUP), que permite inferir sobre os efeitos genéticos de tratamentos (RESENDE, 2007b). Neste caso, um valor genotípico é determinado para cada indivíduo, permitindo uma melhor estimativa do valor genético e um ordenamento mais adequado dos melhores indivíduos, conduzindo a uma melhor seleção. Com este procedimento, a seleção deixa de ser fenotípica e passa a ser genotípica, propiciando maiores ganhos genéticos, com maior acuracidade.

A predição dos valores genéticos pela metodologia BLUP leva em consideração uma única herdabilidade, válida para todos os clones ou famílias, a partir da qual se calcula o valor genético. Esta metodologia é utilizada em condições normais. Porém, em casos onde ocorre heterogeneidade de variâncias residuais, o procedimento tradicional ocasiona subestimativa ou superestimativa dos valores genéticos. Isso porque, cada genótipo apresenta diferentes características e, conseqüentemente, diferentes graus de herdabilidade. O uso de uma metodologia BLUP que acomoda a heterogeneidade de variâncias deve ser priorizado (RESENDE; DUARTE, 2007). Nestas condições, são calculadas herdabilidades específicas para cada genótipo, melhorando a precisão das estimativas e assim obtendo-se valores genéticos preditos mais próximos aos reais. A análise considerando heterogeneidade de variâncias está disponível no software Selegen – REML/BLUP, através do procedimento BLUP-HET. A avaliação destas metodologias pode ser realizada através de simulação, onde se gera dados conhecidos e, após obtenção dos resultados estimados, compara-se com os valores reais. Assim, é possível dizer qual procedimento gera resultados mais próximos aos verdadeiros.

O objetivo geral deste trabalho foi avaliar, em duas condições distintas, a heterogeneidade de variâncias residuais e comparar os resultados obtidos pelos

procedimentos BLUP e BLUP-HET. Estas análises são apresentadas em dois capítulos.

No capítulo 1 realizou-se uma simulação de dados com variâncias heterogêneas, em delineamento de uma planta por parcela e um único local. Para as análises, considerou-se o material genético como clone ou família, porém, as discussões são independentes do tipo de material genético.

No capítulo 2 realizou-se uma análise com dados de campo de *Pinus taeda*, considerando um delineamento com várias plantas por parcela e vários locais, com medidas de DAP e altura, avaliando a heterogeneidade de variâncias residuais, a correlação genética entre variáveis, a interação genótipos x ambientes e a correlação entre locais.

Nos capítulos 1 e 2 foram realizadas simulações de ganho de seleção, constituídos de seleção de clones e seleção entre progênies, respectivamente, considerando os procedimentos BLUP e BLUP-HET.

CAPÍTULO 1

**MÉTODOS DE PREDIÇÃO E EFEITOS DA HETEROGENEIDADE DE
VARIÂNCIAS RESIDUAIS DENTRO DE TRATAMENTOS GENÉTICOS**

CAPÍTULO 1: MÉTODOS DE PREDIÇÃO E EFEITOS DA HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS RESIDUAIS DENTRO DE TRATAMENTOS GENÉTICOS

1. INTRODUÇÃO

Em experimentos de campo nos programas de melhoramento genético se deseja um alto grau de precisão experimental e, conseqüentemente, uma elevada acurácia (RESENDE; DUARTE, 2007). A obtenção desta precisão experimental e acurácia dependem da instalação adequada dos experimentos, da coleta de dados e da forma como estes dados são analisados. Segundo Resende (2002a), quanto maior a acurácia, maior é a confiança na avaliação e na estimativa do valor genético. O processo de avaliação dos tratamentos genéticos em experimentos deve inferir sobre os valores genotípicos dos materiais e ordená-los com base nesses valores para uso no processo de seleção (RESENDE; DUARTE, 2007).

Segundo Marcelino e Lemma (2000), são consagrados nove métodos derivados de três conceitos clássicos de estimação estatística: dos momentos (método de Fischer - ANOVA e os métodos I, II e III de Henderson); da função de verossimilhança (máxima verossimilhança – ML, e máxima verossimilhança restrita – REML); das funções quadráticas (estimadores quadráticos de norma mínima – MINQUE, de variância mínima – MIVQUE, e iterativo de norma mínima – I-MINQUE).

O método da análise de variância, obtendo a esperança matemática dos quadrados médios, foi um dos métodos mais difundidos para obter os estimadores dos componentes de variância, freqüentemente aplicado em experimentos balanceados (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). Porém, em experimentos, existem situações onde se perde indivíduos e até mesmo parcelas (desbalanceados) e em outras situações ocorre heterogeneidade de variâncias, ocasionando erros de estimativa quando utilizados a metodologia da ANOVA.

A escolha adequada do modelo estatístico para realizar a análise de um experimento e identificar os efeitos fixos e aleatórios para minimizar a interferência ambiental é fundamental para que sejam selecionados os melhores genótipos. Segundo Marcelino e Lemma (2000), a estimação dos componentes de variância utilizando modelos mistos e dados desbalanceados têm merecido atenção especial

dos pesquisadores nas últimas décadas. Para estes autores, a maioria dos estudos tem considerado modelos com efeitos fixos, sendo que, em muitas situações, um ou mais fatores são de efeitos aleatórios, demonstrando a importância de modelos com efeitos aleatórios e modelos mistos. Ressaltam ainda que, quando a estimação dos componentes de variância é feita sobre dados desbalanceados, diferentes métodos podem ocasionar diferentes estimativas de um mesmo parâmetro. Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2004), um efeito é considerado como fixo quando as conclusões a seu respeito valerem apenas para ele próprio e um efeito é considerado aleatório quando o material avaliado é uma amostra de uma população. A utilização dos efeitos fixos ou aleatórios irá definir os resultados obtidos na estimação dos componentes de médias e de variância e, conseqüentemente, interferir diretamente na acurácia de suas estimativas.

Vários autores realizaram simulações comparando os diferentes métodos de estimação dos componentes de variância. Resende *et al.* (1996) compararam a estimação dos componentes de variância pelos métodos dos quadrados mínimos (LS), máxima verossimilhança (ML) e máxima verossimilhança restrita (REML) em progênies de *Pinus maximinoi*. Nesta comparação, os autores concluíram: que os procedimentos ML e REML foram similares e apresentaram magnitudes superiores à obtida pelo método LS; o procedimento REML, apesar de ser computacionalmente mais complexo, foi o mais acurado, sendo, portanto, recomendado para utilização na seleção e estimação dos ganhos genéticos.

Scarpinati (2007) avaliou testes clonais de *Eucalyptus* spp. em delineamentos de blocos ao acaso em diferentes tamanhos de parcelas experimentais, comparando a metodologia de análise tradicional (ANOVA) utilizando os procedimentos GLM e MIXED do software estatístico SAS, com a metodologia de modelo misto através do REML/BLUP. Nestas comparações, o autor concluiu que o procedimento REML/BLUP foi ligeiramente superior à metodologia GLM em todas as análises.

Atualmente, o uso de modelos mistos é o mais indicado em programas de melhoramento genético. Neste caso, os blocos são tratados como de efeito fixo, por ser o principal estrato homogêneo para comparação de indivíduos, sendo que, neste caso, a comparação pode ser feita de maneira não viciada (RESENDE, 2002a). Para Resende (2007a), a estimação dos componentes de variância pelo procedimento da máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição dos valores

genéticos pelo procedimento da melhor predição linear não viciada (BLUP) são considerados os procedimentos ótimos de estimação, com dados balanceados ou desbalanceados. O REML foi desenvolvido por Patterson e Thompson (1971)¹, citados por RESENDE (2002a), fazendo uma correção ao método da máxima verossimilhança (ML), eliminando um vício existente. O método de melhor predição linear não viciada (BLUP) foi desenvolvido por Henderson em 1949 e sendo formalmente apresentado em 1973, tornando-se um procedimento padrão na estimativa dos valores genéticos a partir de 1990, com o desenvolvimento da tecnologia computacional (GARCIA, 2004).

A metodologia REML com dados balanceados obtém resultados idênticos aos obtidos pela análise de variância. A grande vantagem da metodologia REML está na estimação dos componentes de variância em experimentos desbalanceados, sendo superior nestes casos ao método dos quadrados mínimos e pela análise de variância, sendo mais flexível (RESENDE *et al.*, 1996). Esta superioridade ocorre devido ao desbalanceamento dos dados que acontece em experimentos com plantas perenes, devido a mortalidade ou por heterogeneidade de variâncias.

Com estes resultados, são estimadas as variâncias e herdabilidades, para então predizer os valores genéticos através da metodologia BLUP. Assim, a predição dos valores genéticos e os métodos de seleção pelas diferentes metodologias, entre elas o BLUP, depende diretamente das estimativas dos componentes de variância (RESENDE *et al.*, 1996). Na predição dos valores genéticos, os componentes de variância são assumidos como conhecidos, ou seja, estão diretamente relacionados e dependem de estimativas fidedignas destes componentes para serem estimados com a maior precisão e acurácia possíveis (RESENDE, 2002a).

Em modelos mistos frequentemente se assume que a variância residual é a mesma para todas as observações, porém, as diferenças na variância residual entre os indivíduos são comuns, tornando importante a inclusão dos efeitos dos resíduos heterogêneos nos modelos tradicionais (RÖNNEGARD *et al.*, 2010).

¹ PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*. London, v. 58, p. 545-554. 1971.

Em situações onde há heterogeneidade de variâncias, um procedimento BLUP que acomoda a heterogeneidade de variâncias deve ser priorizado (RESENDE; DUARTE, 2007). Segundo estes autores, nesta situação, cada tratamento genético apresenta diferentes acurácias, coeficientes de determinação genéticos e variações residuais dentro do tratamento. Este procedimento está disponível no software Selegen-REML/BLUP denominado de BLUP-HET. Tal procedimento calcula e utiliza uma variância residual para cada tratamento genético.

A variabilidade residual existente no delineamento é de difícil análise, pois, quando se instala um experimento, alguns preceitos devem ser levados em consideração, como homogeneidade dentro dos blocos. No caso de experimentos com plantas perenes, a necessidade de grandes áreas faz com que haja um maior risco de heterogeneidade ambiental, ocasionando erros nas estimativas.

Segundo Grondona *et al.* (1996)² citados por Resende e Sturion (2001) a variabilidade ou heterogeneidade espacial associada à fatores ambientais contribuem para o aumento da variação residual, sendo, de grande importância controlar esta variação, seja por delineamento ou por análise. Mesmo depois de instalados os experimentos de forma adequada, no momento das análises é necessário identificar as variações e isolá-las, melhorando assim as estimativas.

O objetivo deste trabalho foi comparar, via simulação, os procedimentos BLUP e BLUP-HET para predição dos valores genéticos sob heterogeneidade de variâncias residuais, visando identificar em que situações o uso do BLUP-HET é suficiente e necessário.

² GRONDONA, M.O.; CROSSA, J.; FOX, P.N.; PFEIFFER, W.H. Analysis of variety yield trials using two-dimensional separable ARIMA processes. **Biometrics**, v. 52, p. 763-770, 1996.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 GERAÇÃO DOS NÚMEROS ALEATÓRIOS

A geração dos números aleatórios foi feita com o uso do software Excel, através da ferramenta “análise de dados” e posteriormente em “geração de número aleatório”, disponível para instalação em “suplementos”. Utilizou-se a distribuição normal, com média 0 e desvio padrão definido de acordo com o tipo de variância desejada. Neste procedimento, identifica-se o número de variáveis e a quantidade de números aleatórios desejados para esta variância e distribuição.

Dessa forma, foram gerados números aleatórios com variâncias específicas para os efeitos genéticos e efeitos de erros. Os efeitos genéticos foram iguais para um mesmo genótipo em todas as repetições. O efeito de erros foi gerado para um número resultante da multiplicação do número de genótipos pelo número de blocos, ou seja, para o número total de indivíduos. Neste caso, o número total de indivíduos do experimento foi sempre o mesmo que o número de erros gerados, tendo em vista que o delineamento utilizado foi de blocos completos casualizados com uma planta por parcela.

Após gerados, estes dados foram somados e adicionados a eles um valor médio de 10 (evitando assim valores fenotípicos negativos), dando origem ao valor fenotípico, que representa os dados fenotípicos coletados em campo. Os valores fenotípicos obtidos em campo para uma determinada característica são medidos e os valores genéticos são estimados através de algum modelo estatístico. Neste caso, não se conhece o valor genético real, sendo este apenas predito, de acordo com o modelo estatístico que mais se adéqua aos dados. Para se definir este modelo com melhor estimativa, se utiliza a simulação, por meio da geração de dados, onde se conhece os verdadeiros efeitos genéticos, de blocos e de erros. Assim, após estes serem somados, obtém-se o valor fenotípico, mas tendo as informações dos valores genéticos reais e dos erros. Após a estimação dos parâmetros genéticos e dos valores genéticos utilizando os valores fenotípicos, compararam-se, via correlação, os valores genéticos estimados com os valores genéticos reais e a acurácia calculada com a acurácia esperada, para assim verificar qual modelo apresenta melhores predições.

As variâncias genéticas foram geradas supondo homogeneidade, sendo 0,10. Obteve-se dados para diferentes números de repetições, sendo: 2, 5, 10 e 20 blocos, com 10 variáveis cada. Optou-se por utilizar análises com 100 clones.

As variâncias residuais foram geradas por grupo de clones, de forma a obter variâncias heterogêneas. As variâncias utilizadas por respectivo grupo e número dos clones estão descritas na Tabela 1.

TABELA 1 - DISTRIBUIÇÃO DAS VARIÂNCIAS GENÉTICAS E RESIDUAIS E HERDABILIDADES ASSOCIADAS A CADA COMBINAÇÃO DE GENÓTIPOS, PARA O RESPECTIVO GRUPO DE CLONES

Clones	Variância genética	Variância Residual	h ² resultante da simulação
Clones 1 a 5	0,10	0,95	0,10
Clones 6 a 25	0,10	0,80	0,11
Clones 26 a 75	0,10	0,70	0,13
Clones 76 a 95	0,10	0,60	0,14
Clones 96 a 100	0,10	0,50	0,17

FONTE: O AUTOR (2010)

Após serem gerados os dados, estes foram somados e adicionados à média 10, obtendo-se assim o valor fenotípico que foi utilizado nas análises. Um resumo da estruturação dos dados é apresentado na Tabela 2. Pode-se observar que o efeito genético repete sempre para o mesmo clone. O efeito do erro varia em todos os casos, não se repetindo.

TABELA 2 - RESUMO DOS DADOS NA GERAÇÃO DAS VARIÂNCIAS, CONSIDERANDO 20 BLOCOS, 100 CLONES E UMA PLANTA POR PARCELA

Bloco	Clone	Efeito Genético	Efeito Residual	Média	Valor Fenotípico
1	1	0,3910	-1,3436	10	9,0474
1	2	-0,0960	-0,1887	10	9,7153
1	3	-0,4627	0,0514	10	9,5886
1
1	98	0,4493	-0,9299	10	9,5194
1	99	-0,3468	-0,9847	10	8,6686
1	100	-0,6854	0,6571	10	9,9718
2	1	0,3910	0,4298	10	10,8208
2	2	-0,0960	0,1758	10	10,0799
2	3	-0,4627	0,0003	10	9,5376
2
2	98	0,4493	-0,0585	10	10,3908
2	99	-0,3468	-0,6840	10	8,9692
2	100	-0,6854	0,7132	10	10,0278
...
19	1	0,3910	0,7032	10	11,0943
19	2	-0,0960	0,8571	10	10,7611
19	3	-0,4627	-0,9506	10	8,5867
19
19	98	0,4493	0,8286	10	11,2779
19	99	-0,3468	-0,2939	10	9,3594
19	100	-0,6854	0,6766	10	9,9913
20	1	0,3910	0,2764	10	10,6674
20	2	-0,0960	0,4758	10	10,3798
20	3	-0,4627	-0,5786	10	8,9586
20
20	98	0,4493	0,6879	10	11,1372
20	99	-0,3468	-0,0358	10	9,6174
20	100	-0,6854	-0,3729	10	8,9418

FONTE: O AUTOR (2010)

2.2 PREDIÇÃO DOS VALORES GENÉTICOS PELOS PROCEDIMENTOS BLUP E BLUP-HET

As predições dos valores genéticos pelas metodologias BLUP e BLUP-HET foram realizadas utilizando o Software SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2002b). O modelo estatístico utilizado foi o de blocos ao acaso, teste de clones não aparentados, com uma planta por parcela, denominado de Modelo 20 no software, representado matematicamente pela expressão (RESENDE, 2007a):

$$y = Xr + Zg + e$$

Sendo:

y: vetor de dados;

r: vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

g: vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

e: vetor de erros ou resíduos (aleatórios);

X: matriz de incidência dos efeitos de repetição;

Z: matriz de incidência dos efeitos genotípicos.

Este modelo, além da classificação dos clones (BLUP individual) resulta também nos seguintes componentes de variância (REML individual):

σ^2_g : variância genotípica;

σ^2_e : variância residual;

σ^2_f : variância fenotípica individual;

h^2_g : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais;

h^2_{mc} : herdabilidade da média de genótipos, assumindo ausência de perda de parcelas;

h^2_{mci} : herdabilidade da média para o clone i (i variando de 1 a 100);

Acclon: acurácia da seleção de genótipos, assumindo ausência de perda de parcelas.

Os resultados dos componentes de variâncias foram obtidos, através das seguintes fórmulas:

Herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos:

$$\hat{h}_g^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

Sendo:

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica entre clones.

$\hat{\sigma}_e^2$: variância residual ou ambiental entre parcelas.

$\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica ($\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2$).

Herdabilidade da média de clones, assumindo estande completo:

$$\hat{h}_{mc}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{b}}$$

Sendo:

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica entre clones.

$\hat{\sigma}_e^2$: variância residual ou ambiental entre parcelas.

b : número de blocos.

Herdabilidade da média para o clone i (i variando de 1 a 100):

$$\hat{h}_{mci}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_{ei}^2}{b}}$$

Sendo:

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica entre clones.

$\hat{\sigma}_{ei}^2$: variância residual ou ambiental entre parcelas para o clone i .

b : número de blocos.

Acurácia da seleção de clones, assumindo estande completo:

$$Acclon = \sqrt{\hat{h}_{mc}^2}$$

Sendo:

\hat{h}_{mc}^2 : herdabilidade da média de clones, assumindo estande completo.

Diferencial de seleção:

$$ds = ms - \mu$$

Sendo:

m_s : média dos clones selecionados.

μ : média original do experimento.

O valor genotípico predito (vg) de cada clone é dado pela herdabilidade da média de clones (\widehat{h}_{mc}^2) multiplicado pelo diferencial de seleção mais a média original. Quando não se adiciona a média original na fórmula, têm-se apenas os efeitos genotípicos (g).

Para o procedimento BLUP, têm-se, no caso balanceado, assumindo homogeneidade de variâncias:

$g = \widehat{h}_{mc}^2 \cdot (ds)$: efeito genotípico.

$vg = \mu + g = \widehat{h}_{mc}^2 \cdot (ds) + \mu$: valor genotípico predito.

Sendo:

\widehat{h}_{mc}^2 : herdabilidade da média de clones, assumindo estande completo.

ds : diferencial de seleção.

g : efeito genotípico.

μ : média original do experimento.

Para o procedimento BLUP-HET, têm-se, no caso balanceado:

$g = \widehat{h}_{mci}^2 \cdot (ds)$: efeito genotípico do clone i .

$vg = \mu + g = \widehat{h}_{mci}^2 \cdot (ds) + \mu$: valor genotípico predito do clone i .

Sendo:

\widehat{h}_{mci}^2 : herdabilidade da média para o clone i (i variando de 1 a 100)

ds : diferencial de seleção.

g : efeito genotípico.

μ : média original do experimento.

2.3 COMPARAÇÃO DOS PROCEDIMENTOS BLUP E BLUP-HET

Após realizada a estimativa dos valores genéticos dos clones pelos procedimentos BLUP e BLUP-HET, estes foram comparados com o valor genético real (VGR), obtido na geração dos números aleatórios. Com os resultados dos valores genéticos preditos (VGP) e o VGR, realizou-se o cálculo do erro quadrático médio (EQM), utilizando-se a seguinte fórmula:

$$EQM = \sum \frac{(VGR - VGP)^2}{c}$$

Sendo:

VGR: valor genético real.

VGP: valor genético predito.

c: número de clones.

O EQM dá uma medida de comparação em relação aos erros de predição, apresentando menor erro o modelo que apresenta os menores valores de EQM.

As acurácias seletivas dos procedimentos BLUP e BLUP-HET foram obtidas utilizando a correlação de Pearson entre o VGR e os valores preditos pelos procedimentos BLUP e BLUP-HET. A acurácia esperada foi calculada através da seguinte fórmula (RESENDE, 2002a):

$$r_{gg} = \left[\frac{b \hat{h}_g^2}{1 + (b-1) \hat{h}_g^2} \right]^{1/2}$$

Sendo:

b: número de blocos.

\hat{h}_g^2 : herdabilidade individual no sentido amplo no bloco (dos efeitos genotípicos).

Comparou-se também o ganho de seleção pelos procedimentos BLUP e BLUP-HET com os valores genéticos reais, considerando uma intensidade de seleção de 10% (10 clones). Primeiramente, ordenou-se, pelo valor genético do clone, considerando a ordem do valor genético real, obtendo assim o ganho real. Com esta ordem, foi estimado o ganho de seleção pelo BLUP e BLUP-HET.

Posteriormente, comparou-se o ganho de seleção e a ordem dos melhores clones reais com a classificação dos melhores clones e seus respectivos ganhos por procedimento. Neste caso, os clones não são, necessariamente, os mesmos. Para verificar a coincidência existente entre os valores reais e os estimados, foi feita uma contagem de genótipos comuns ocorrendo entre os 10 selecionados, para a estimativa real x BLUP, real x BLUP-HET e BLUP x BLUP-HET.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados médios por variável (população simulada) das herdabilidades, erro quadrático médio, acurácias estimadas pelos procedimentos BLUP e BLUP-HET e acurácia esperada estão descritos na Tabela 3.

As herdabilidades das populações simuladas variaram entre 3% e 24%, com herdabilidade média de 11%. A variação existente nas herdabilidades se deve a aleatoriedade na geração dos dados e a heterogeneidade das variâncias residuais, levando-se em consideração a variância genética de 0,10. As amplitudes existentes entre as herdabilidades estimadas foi maior nos casos com 2 repetições, reduzindo gradativamente, com o aumento do número de blocos. Esta amplitude demonstra a menor eficiência da estimação da herdabilidade em experimentos com 2 ou 5 blocos. A partir de 10 blocos, a amplitude foi inferior a 10%, reduzindo com o aumento do número de repetições, se mostrando mais eficiente.

Ocorreu um aumento das acurácias seletivas em função do aumento do número de repetições, conforme esperado, com valores médios na faixa de 45% no caso de 2 repetições para cerca de 76% com 10 repetições. Nestas condições, a utilização de um número de blocos reduzidos influi direta e negativamente nas estimativas, ocasionando maiores erros e, conseqüentemente, menores acurácias. Assim, seriam necessários pelo menos 10 repetições para a obtenção de uma seleção mais confiável.

TABELA 3 - VALORES DE HERDABILIDADE (h^2), MÉDIA GERAL DO EXPERIMENTO, ERRO QUADRÁTICO MÉDIO (EQM), CORRELAÇÃO, ACURÁCIA ESPERADA E ESTIMADAS PELOS PROCEDIMENTOS BLUP E BLUP-HET, PARA AS 10 VARIÁVEIS SIMULADAS COM 2, 5, 10 E 20 BLOCOS

Número de blocos	Parâmetro	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7	V8	V9	V10	Média	
2 Blocos	h^2 (geral)	0,23	0,10	0,17	0,24	0,14	0,17	0,03	0,22	0,12	0,08	0,15	
	Média geral	10,03	9,98	9,99	10,07	10,04	9,84	9,94	9,90	9,98	10,12	9,99	
	EQM BLUP	0,09	0,08	0,08	0,10	0,07	0,09	0,09	0,09	0,09	0,06	0,08	0,08
	EQM BLUP-HET	0,19	0,18	0,16	0,21	0,15	0,15	0,14	0,20	0,11	0,12	0,16	
	Acurácia BLUP	0,54	0,43	0,40	0,45	0,51	0,47	0,46	0,46	0,55	0,54	0,48	
	Acurácia BLUP-HET	0,41	0,36	0,43	0,46	0,45	0,37	0,33	0,42	0,49	0,45	0,42	
	Correlação BLUP x BLUP-HET	0,89	0,80	0,89	0,93	0,89	0,85	0,77	0,88	0,84	0,80	0,89	
	Acurácia esperada	0,61	0,42	0,54	0,62	0,50	0,54	0,23	0,60	0,46	0,39	0,49	
5 Blocos	h^2 (geral)	0,17	0,08	0,12	0,16	0,06	0,15	0,09	0,16	0,10	0,09	0,12	
	Média geral	9,97	9,99	9,95	9,95	10,00	10,05	9,97	10,03	10,03	10,09	10,00	
	EQM BLUP	0,06	0,06	0,06	0,06	0,06	0,07	0,06	0,06	0,06	0,06	0,07	0,06
	EQM BLUP-HET	0,08	0,06	0,08	0,07	0,06	0,07	0,07	0,07	0,06	0,08	0,07	
	Acurácia BLUP	0,67	0,64	0,58	0,68	0,68	0,66	0,65	0,67	0,67	0,52	0,64	
	Acurácia BLUP-HET	0,63	0,61	0,54	0,69	0,62	0,65	0,58	0,66	0,63	0,50	0,61	
	Correlação BLUP x BLUP-HET	0,97	0,93	0,95	0,96	0,90	0,96	0,93	0,97	0,93	0,93	0,97	
	Acurácia esperada	0,71	0,56	0,64	0,70	0,48	0,69	0,57	0,70	0,60	0,57	0,62	
10 blocos	h^2 (geral)	0,12	0,07	0,10	0,10	0,13	0,12	0,05	0,09	0,12	0,08	0,10	
	Média geral	9,97	10,07	9,93	10,03	9,99	9,95	9,99	9,98	10,05	9,98	9,99	
	EQM BLUP	0,05	0,05	0,05	0,05	0,04	0,04	0,04	0,04	0,05	0,05	0,05	
	EQM BLUP-HET	0,05	0,05	0,05	0,04	0,05	0,05	0,04	0,04	0,05	0,05	0,05	
	Acurácia BLUP	0,85	0,78	0,78	0,77	0,76	0,79	0,75	0,71	0,79	0,71	0,77	
	Acurácia BLUP-HET	0,84	0,77	0,78	0,79	0,75	0,76	0,73	0,71	0,78	0,70	0,76	
	Correlação BLUP x BLUP-HET	0,99	0,98	0,99	0,99	0,98	0,99	0,96	0,98	0,99	0,97	0,99	
	Acurácia esperada	0,76	0,67	0,73	0,72	0,77	0,76	0,60	0,70	0,76	0,68	0,72	
20 blocos	h^2 (geral)	0,08	0,11	0,11	0,09	0,06	0,11	0,12	0,08	0,05	0,09	0,09	
	Média geral	9,99	9,99	10,03	9,94	10,04	9,93	10,01	9,96	9,98	9,99	9,98	
	EQM BLUP	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03	
	EQM BLUP-HET	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	
	Acurácia BLUP	0,85	0,87	0,83	0,83	0,75	0,83	0,89	0,85	0,79	0,85	0,84	
	Acurácia BLUP-HET	0,84	0,86	0,83	0,82	0,75	0,82	0,88	0,85	0,78	0,85	0,83	
	Correlação BLUP x BLUP-HET	0,99	1,00	1,00	1,00	0,99	1,00	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	
	Acurácia esperada	0,80	0,85	0,85	0,82	0,76	0,85	0,85	0,80	0,73	0,81	0,81	

FONTE: O AUTOR (2010)

Quando se analisa os dados por número de repetições, no caso de 2 blocos, o procedimento BLUP foi superior ao BLUP-HET em 80% dos casos, o BLUP-HET foi superior em 10% e, no caso da variável 4, praticamente não houve diferença entre as acurácias. Os procedimentos BLUP e BLUP-HET apresentaram acurácias médias de 48% e 42%, respectivamente. Apesar da pequena superioridade do BLUP, a acurácia é muito baixa para ambos os métodos, não sendo adequada para a seleção em casos com 2 blocos. A inferioridade do BLUP-HET revela

apenas que 2 observações são inadequadas para estimar a variância de cada genótipo.

Para a análise com 5 repetições, o procedimento BLUP foi superior ao BLUP-HET em 60% dos casos e, nos demais casos, os procedimentos foram semelhantes. A acurácia do BLUP foi de 64% e a do BLUP-HET foi de 61%. Esta diferença a favor do BLUP provavelmente se deu devido à baixa precisão da estimativa das variâncias residuais dentro de clones estimada pelo procedimento BLUP-HET. Essa estimação com pequeno tamanho amostral e via o método de quadrados mínimos parece inadequada, neutralizando a superioridade conceitual do BLUP-HET. Nestas condições, novos métodos de estimação da variância residual dentro de clones são necessários para melhor considerar essa heterogeneidade, principalmente para casos com número de repetições variando entre 5 e 10. Métodos como o de Foulley e Quaas (1995) devem ser experimentados nesse caso.

Com 10 repetições, apenas 10% das análises apresentaram diferenças, sendo o BLUP melhor neste caso. As acurácias médias do BLUP e BLUP-HET foram de 77% e 76%, respectivamente, ou seja, praticamente iguais.

Nas análises com 20 repetições, os procedimentos foram semelhantes, com acurácias médias em torno de 84%. Considerando a acurácia calculada por procedimento, o BLUP foi melhor no caso com 2 e 5 blocos, sendo, a partir de 10 blocos, praticamente iguais. Apesar da superioridade do BLUP com menor número de blocos, ocorre uma menor precisão das estimativas, não sendo adequado o uso de um número reduzido de repetições com uma planta por parcela.

Nestes casos, para um caráter com herdabilidade na faixa de 10%, a utilização de 10 ou mais repetições não representa problema prático com heterogeneidade de variâncias residuais, podendo ser utilizado para análise qualquer um dos dois métodos.

Apesar do BLUP ter sido superior ao BLUP-HET no caso de baixo número de repetições, a acurácia do procedimento BLUP-HET mostrou-se mais próximo à acurácia esperada para a maioria dos casos. No caso de 2 repetições, 50% das acurácias estimadas foram mais próximas da acurácia esperada para cada método, com melhor média do BLUP. Com 5 repetições, a acurácia estimada pelo BLUP foi mais próxima a acurácia esperada em 40% dos casos, contra 50% do BLUP-HET e na média das 10 variáveis. Com 10 e 20 blocos, o BLUP apresentou

acurácia estimada mais próxima a acurácia esperada apenas em 20% dos casos, tendo o BLUP-HET apresentado melhores resultados em 60% dos casos e na média das 10 variáveis. Levando-se em consideração a maior proximidade da acurácia calculada com a acurácia esperada, o uso de 2 e 5 repetições foram praticamente iguais, sendo que, para 10 ou mais repetições, o procedimento BLUP-HET mostrou-se mais próximo ao valor esperado. Isto indicaria o BLUP-HET como o método preferido para o caso de 10 repetições. No entanto, nessa situação, as correlações entre os métodos BLUP e BLUP-HET foram de 99%, indicando que os métodos conduzem aos mesmos resultados nessa situação.

A média e o desvio padrão das variâncias residuais estimadas pelo procedimento BLUP-HET por número de blocos estão descritas na Tabela 4 e das herdabilidades estão descritas na Tabela 5.

TABELA 4 - MÉDIA E DESVIO PADRÃO DAS VARIÂNCIAS RESIDUAIS DENTRO DE CLONES ESTIMADOS PELO PROCEDIMENTO BLUP-HET PARA 2, 5, 10 E 20 BLOCOS

Número de blocos	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7	V8	V9	V10	Média
Média das Variâncias Residuais											
2	0,61	0,72	0,64	0,62	0,66	0,62	0,80	0,58	0,61	0,66	0,65
5	0,67	0,74	0,68	0,73	0,82	0,57	0,74	0,70	0,67	0,69	0,70
10	0,68	0,68	0,77	0,70	0,66	0,70	0,72	0,66	0,70	0,70	0,70
20	0,72	0,66	0,68	0,65	0,67	0,67	0,72	0,76	0,73	0,73	0,70
Desvio Padrão das Variâncias Residuais											
2	0,89	1,16	1,01	0,91	1,02	0,82	1,11	0,84	0,80	0,91	0,95
5	0,51	0,49	0,51	0,52	0,50	0,39	0,52	0,41	0,57	0,50	0,49
10	0,32	0,33	0,40	0,38	0,31	0,32	0,35	0,33	0,36	0,41	0,35
20	0,25	0,24	0,27	0,22	0,22	0,23	0,26	0,38	0,24	0,28	0,26

FONTE: O AUTOR (2010)

TABELA 5 - MÉDIA E DESVIO PADRÃO DAS HERDABILIDADES MÉDIAS DOS CLONES ESTIMADAS PELO PROCEDIMENTO BLUP-HET PARA 2, 5, 10 E 20 BLOCOS

Número de blocos	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7	V8	V9	V10	Média
Média das Herdabilidades											
2	0,49	0,41	0,44	0,48	0,40	0,42	0,26	0,48	0,38	0,32	0,41
5	0,26	0,16	0,21	0,25	0,12	0,23	0,17	0,24	0,19	0,16	0,20
10	0,17	0,11	0,14	0,14	0,17	0,17	0,08	0,12	0,17	0,13	0,14
20	0,11	0,15	0,15	0,12	0,09	0,14	0,15	0,11	0,07	0,12	0,12
Desvio Padrão das Herdabilidades											
2	0,33	0,34	0,31	0,31	0,32	0,32	0,31	0,34	0,31	0,31	0,32
5	0,16	0,13	0,14	0,15	0,11	0,14	0,14	0,15	0,12	0,11	0,14
10	0,07	0,04	0,06	0,06	0,07	0,07	0,05	0,05	0,08	0,07	0,06
20	0,04	0,05	0,05	0,04	0,04	0,05	0,04	0,03	0,02	0,04	0,04

FONTE: O AUTOR (2010)

As variâncias residuais apresentaram médias semelhantes nas 10 variáveis. Porém, quando se observa o desvio padrão das variâncias residuais, observa-se o aumento dos desvios com a redução do número de repetições, revelando que as variâncias residuais dentro de clones são estimadas de forma imprecisa com pequeno número de repetições. Com 10 ou mais repetições esses desvios padrões são de baixa magnitude e as variâncias residuais dentro de clones são estimadas de forma mais precisa.

Os desvios padrões e as herdabilidades médias apresentaram, de maneira geral, tendência de redução dos valores com o aumento do número de blocos. Esta redução se deve a melhor estimação da herdabilidade média com o maior número de blocos, demonstrando que, para um pequeno número de repetições, as estimativas não são precisas.

As altas magnitudes dos desvios padrões tanto da variância residual quanto da herdabilidade de cada clone, especialmente para o caso de pequeno número de repetições, revela que os dados foram gerados sob forte heterogeneidade de variância residual, conforme premissa desejada.

As Tabelas 6 e 7 apresentam os valores médios para a herdabilidade e variância assumida no momento da geração dos dados e para as herdabilidades e variâncias estimadas, de acordo com os números dos clones e número de repetições. As herdabilidades e as variâncias residuais tendem a se aproximar dos valores assumidos na geração, quando se aumenta o número de repetições. Nas análises com 2 e 5 blocos, estes parâmetros foram estimados com baixa eficiência, enquanto que, nas análises com 10 e 20 blocos, os resultados foram mais próximos aos esperados. Com base nestes resultados, observa-se que a estimação, tanto das herdabilidades quanto das variâncias residuais foram ineficientes para um pequeno número de repetições, apresentando melhores resultados com 10 ou mais blocos.

TABELA 6 - HERDABILIDADE ESPERADA E MÉDIA ESTIMADA POR NÚMERO DE REPETIÇÃO E POR CLONES OBTIDOS PELO BLUP-HET E HERDABILIDADE OBTIDA PELO BLUP

Clones	2 Blocos	5 Blocos	10 Blocos	20 Blocos	h ² assumida
Clones 1 a 5	0,33	0,15	0,11	0,09	0,10
Clones 6 a 25	0,37	0,17	0,12	0,11	0,11
Clones 26 a 75	0,42	0,20	0,14	0,12	0,13
Clones 76 a 95	0,43	0,22	0,17	0,14	0,14
Clones 96 a 100	0,38	0,23	0,17	0,17	0,17

FONTE: O AUTOR (2010)

TABELA 7 - VARIÂNCIA RESIDUAL ESPERADA E MÉDIA ESTIMADA POR NÚMERO DE REPETIÇÃO E POR CLONES

Clones	2 Blocos	5 Blocos	10 Blocos	20 Blocos	Variância assumida
Clones 1 a 5	0,89	1,01	0,93	0,92	0,95
Clones 6 a 25	0,77	0,81	0,81	0,77	0,80
Clones 26 a 75	0,62	0,67	0,70	0,71	0,70
Clones 76 a 95	0,56	0,62	0,56	0,60	0,60
Clones 96 a 100	0,58	0,55	0,51	0,47	0,50

FORNE: O AUTOR (2010)

As estimativas do ganho de seleção considerando uma intensidade de seleção de 10% e classificando pela ordem dos maiores valores genéticos reais está apresentada na Tabela 8. Neste caso, a ordem estimada pelos procedimentos BLUP e BLUP-HET não foi considerada, ou seja, os valores obtidos por estes procedimentos levam em consideração a ordem real. O procedimento BLUP-HET apresentou uma estimativa maior que a real, para os respectivos clones, apenas em duas das quarenta análises. Nos demais casos, a estimativa dos clones foi subestimada. O procedimento BLUP apresentou valores subestimados em todas as análises em relação ao valor real e apenas para seis análises apresentou melhores estimativas que o BLUP-HET. Considerando estas condições, o procedimento BLUP-HET apresenta estimativas mais próximas do valor real do que o procedimento BLUP, desconsiderando a ordem de classificação das estimativas.

TABELA 8 - GANHO DE SELEÇÃO (GS) E GANHO DE SELEÇÃO EM PORCENTAGEM (GS%) CONSIDERANDO OS 10 MELHORES CLONES (10% DE INTENSIDADE DE SELEÇÃO), CLASSIFICADOS PELO VALOR REAL E SEUS VALORES ESTIMADOS PELOS PROCEDIMENTOS BLUP E BLUP-HET

Número de blocos	Variáveis	REAL		BLUP		BLUP-HET	
		gs	gs%	gs	gs%	gs	gs%
2 blocos	v1	0,658	6,565	0,315	3,138	0,412	4,106
	v2	0,553	5,541	0,139	1,396	0,282	2,822
	v3	0,491	4,919	0,221	2,215	0,538	5,386
	v4	0,522	5,184	0,356	3,536	0,578	5,737
	v5	0,580	5,780	0,223	2,223	0,434	4,324
	v6	0,554	5,631	0,179	1,815	0,245	2,495
	v7	0,507	5,105	0,030	0,303	0,088	0,884
	v8	0,557	5,630	0,225	2,270	0,376	3,802
	v9	0,548	5,489	0,143	1,437	0,298	2,987
	v10	0,578	5,709	0,094	0,931	0,162	1,598
	média	0,555	5,555	0,193	1,926	0,341	3,414
5 blocos	v1	0,589	5,905	0,421	4,219	0,466	4,674
	v2	0,556	5,562	0,237	2,377	0,233	2,328
	v3	0,440	4,424	0,200	2,012	0,182	1,824
	v4	0,604	6,071	0,404	4,057	0,456	4,578
	v5	0,563	5,625	0,127	1,274	0,190	1,899
	v6	0,477	4,750	0,202	2,007	0,251	2,494
	v7	0,541	5,427	0,251	2,518	0,295	2,956
	v8	0,570	5,681	0,253	2,524	0,296	2,951
	v9	0,542	5,406	0,239	2,387	0,323	3,223
	v10	0,602	5,964	0,170	1,689	0,194	1,924
	média	0,548	5,481	0,250	2,506	0,288	2,885
10 blocos	v1	0,652	6,537	0,386	3,868	0,370	3,713
	v2	0,597	5,928	0,228	2,267	0,234	2,325
	v3	0,526	5,292	0,319	3,216	0,329	3,315
	v4	0,572	5,704	0,344	3,434	0,369	3,674
	v5	0,477	4,773	0,272	2,725	0,309	3,094
	v6	0,578	5,807	0,321	3,228	0,285	2,860
	v7	0,453	4,530	0,201	2,011	0,212	2,119
	v8	0,541	5,415	0,258	2,580	0,279	2,798
	v9	0,606	6,033	0,354	3,523	0,375	3,729
	v10	0,555	5,561	0,353	3,539	0,401	4,018
	média	0,556	5,558	0,304	3,039	0,316	3,164
20 blocos	v1	0,532	5,331	0,317	3,176	0,336	3,369
	v2	0,528	5,288	0,461	4,617	0,485	4,859
	v3	0,555	5,535	0,366	3,646	0,369	3,674
	v4	0,531	5,345	0,425	4,280	0,431	4,336
	v5	0,457	4,550	0,200	1,989	0,206	2,053
	v6	0,505	5,090	0,396	3,987	0,400	4,029
	v7	0,564	5,633	0,457	4,571	0,445	4,443
	v8	0,406	4,080	0,270	2,714	0,275	2,765
	v9	0,435	4,359	0,227	2,270	0,242	2,429
	v10	0,527	5,281	0,392	3,929	0,385	3,860
	média	0,504	5,049	0,351	3,518	0,358	3,582

FONTE: O AUTOR (2010)

As estimativas do ganho de seleção considerando uma intensidade de seleção de 10% e classificando pela ordem dos maiores valores genéticos reais e pela ordem dos valores genéticos estimados pelos procedimentos BLUP e BLUP-HET estão descritos na Tabela 9. Neste caso, os respectivos clones selecionados não são, necessariamente, os mesmos. Todas as análises pelo procedimento BLUP foram inferiores aos valores reais, ou seja, subestimando o ganho genético. O procedimento BLUP-HET superestimou as estimativas do ganho de seleção em 15 análises efetuadas, sendo em todas as análises com 2 blocos, em quatro análises com 5 blocos e apenas em uma análise com 20 blocos. Para as demais análises, a estimativa do procedimento BLUP-HET foi inferior ao estimado pelo real. Esta superestimativa ocorreu principalmente nos casos com menor número de blocos, pois se tem uma menor precisão para estimar a heterogeneidade de variâncias e, conseqüentemente, uma menor precisão na estimativa da variância residual e herdabilidade individual. Comparando os dois procedimentos, o BLUP apresentou maiores estimativas que o BLUP-HET em apenas 3 casos, mostrando-se mais conservador. Apesar das diferenças existentes, o BLUP-HET apresentou resultados do ganho de seleção mais próximos ao valor real em 32 análises.

Comparando o número de clones comuns entre os 10 melhores, considerando os 10 melhores clones reais e de cada procedimento (Tabela 9), o número de blocos interferiu diretamente na seleção. O aumento do número de blocos ocasiona uma melhora na estimativa, aumentando o número de clones comuns, tanto entre o BLUP e o BLUP-HET quanto entre estes procedimentos e os valores reais. Se observa que, para 2, 5, 10 e 20 blocos, o BLUP apresentou semelhança com os valores reais, em termos médios, de 3,6, 4,3, 5,6 e 5,9 clones comuns, respectivamente, enquanto que o BLUP-HET apresentou valores de 3,1, 3,9, 5,6 e 5,5 clones comuns, respectivamente. Entre os procedimentos, há um aumento de coincidências com o aumento do número de blocos, sendo de 5,6, 6,9, 8,5 e 8,7 clones comuns para 2, 5, 10 e 20 blocos, respectivamente. Neste caso, delineamentos com maior número de repetições tendem a apresentar resultados mais próximos entre os dois procedimentos. Apesar da pequena diferença no número de clones selecionados pelos dois procedimentos com a ordem dos valores genéticos reais, o BLUP apresentou uma pequena superioridade, no caso de baixo número de repetições.

TABELA 9 - GANHO DE SELEÇÃO (GS) E GANHO DE SELEÇÃO EM PORCENTAGEM (GS%) CONSIDERANDO OS 10 MELHORES CLONES (10% DE INTENSIDADE DE SELEÇÃO), CLASSIFICADOS PELO VALOR REAL E PELOS PROCEDIMENTOS BLUP E BLUP-HET E O NÚMERO DE CLONES COMUNS ENTRE OS VALORES REAIS E AS ESTIMATIVAS

Número de blocos	Variáveis	REAL		BLUP		HET		NÚMERO DE CLONES COMUNS		
		gs	gs%	gs	gs%	gs	gs%	REAL X BLUP	REAL X HET	BLUP X HET
2 blocos	v1	0,658	6,565	0,456	4,548	0,812	8,099	4	3	5
	v2	0,553	5,541	0,234	2,349	0,838	8,396	3	2	6
	v3	0,491	4,919	0,379	3,789	0,863	8,636	4	5	6
	v4	0,522	5,184	0,498	4,946	0,856	8,495	4	4	5
	v5	0,580	5,780	0,375	3,735	0,706	7,031	6	4	7
	v6	0,554	5,631	0,351	3,571	0,629	6,398	5	4	6
	v7	0,507	5,105	0,078	0,781	0,627	6,305	1	1	6
	v8	0,557	5,630	0,419	4,230	0,871	8,793	4	3	4
	v9	0,548	5,489	0,281	2,817	0,711	7,123	2	3	6
	v10	0,578	5,709	0,190	1,879	0,640	6,326	3	2	5
	média	0,555	5,555	0,326	3,265	0,755	7,560	3,6	3,1	5,6
5 blocos	v1	0,589	5,905	0,512	5,136	0,607	6,091	5	6	7
	v2	0,556	5,562	0,320	3,207	0,317	3,172	6	4	6
	v3	0,440	4,424	0,393	3,946	0,512	5,147	3	2	6
	v4	0,604	6,071	0,555	5,581	0,654	6,567	6	4	6
	v5	0,563	5,625	0,232	2,321	0,410	4,101	3	3	8
	v6	0,477	4,750	0,405	4,027	0,490	4,873	3	4	7
	v7	0,541	5,427	0,324	3,252	0,357	3,580	6	5	7
	v8	0,570	5,681	0,463	4,612	0,517	5,158	3	4	9
	v9	0,542	5,406	0,329	3,278	0,462	4,608	5	5	7
	v10	0,602	5,964	0,269	2,670	0,416	4,120	3	2	6
	média	0,548	5,481	0,380	3,803	0,474	4,742	4,3	3,9	6,9
10 blocos	v1	0,652	6,537	0,463	4,650	0,480	4,817	7	6	8
	v2	0,597	5,928	0,306	3,041	0,333	3,311	5	6	9
	v3	0,526	5,292	0,417	4,195	0,464	4,675	6	4	8
	v4	0,572	5,704	0,380	3,789	0,396	3,947	7	6	8
	v5	0,477	4,773	0,396	3,967	0,441	4,419	5	5	10
	v6	0,578	5,807	0,474	4,760	0,483	4,857	4	4	8
	v7	0,453	4,530	0,263	2,630	0,277	2,777	5	6	7
	v8	0,541	5,415	0,348	3,483	0,366	3,661	6	7	9
	v9	0,606	6,033	0,440	4,377	0,495	4,928	5	5	10
	v10	0,555	5,561	0,403	4,043	0,442	4,434	6	7	8
	média	0,556	5,558	0,389	3,894	0,418	4,183	5,6	5,6	8,5
20 blocos	v1	0,532	5,331	0,417	4,174	0,458	4,585	6	6	9
	v2	0,528	5,288	0,508	5,085	0,543	5,438	7	8	9
	v3	0,555	5,535	0,480	4,788	0,495	4,930	5	5	9
	v4	0,531	5,345	0,463	4,660	0,485	4,884	7	5	8
	v5	0,457	4,550	0,298	2,972	0,303	3,016	3	3	9
	v6	0,505	5,090	0,467	4,705	0,478	4,811	6	6	8
	v7	0,564	5,633	0,462	4,614	0,456	4,554	9	8	9
	v8	0,406	4,080	0,361	3,627	0,382	3,833	5	4	9
	v9	0,435	4,359	0,288	2,885	0,321	3,217	5	4	8
	v10	0,527	5,281	0,434	4,343	0,427	4,274	6	6	9
	média	0,504	5,049	0,418	4,185	0,435	4,354	5,9	5,5	8,7

FONTE: O AUTOR (2010)

Foram também simulados dados para herdabilidade de 0,30. Os resultados obtidos com variâncias genéticas de 0,30 foram semelhantes e demonstrando as mesmas tendências que os obtidos com variâncias genéticas de 0,10, porém, de forma antecipada, pois, quanto maior a herdabilidade associada, menor é o problema gerado pela heterogeneidade de variâncias. O BLUP apresentou maior acurácia calculada, no caso de 2 repetições, em 70% e, no caso de 5 repetições, de 20%. Nos demais casos, os procedimentos foram considerados iguais.

4. CONCLUSÕES

- As estimativas realizadas com 2 ou 5 repetições mostraram-se de baixa precisão. Para o caso de herdabilidades em torno de 10%, recomenda-se o uso de pelo menos 10 repetições, o que resulta em desvios padrões de baixa magnitude e variâncias residuais estimadas com maior precisão, maximizando a acurácia;
- Para uma herdabilidade na faixa de 10% e com o uso de 10 ou mais repetições, a questão da heterogeneidade de variâncias dentro de genótipos não representa problema prático e pode ser negligenciada, sendo que, neste caso, qualquer um dos métodos pode ser utilizado;
- Apesar do BLUP ter sido superior ao procedimento BLUP-HET no caso de pequeno número de repetições (2 a 5), na maioria dos casos, a acurácia média do BLUP-HET mostrou-se mais próxima ao valor esperado;
- O BLUP-HET apresenta ganhos de seleção mais próximos do real.

CAPÍTULO 2

AVALIAÇÃO GENÉTICA DA HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS RESIDUAIS E
DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES EM PROGRAMA DE
MELHORAMENTO DE *Pinus taeda* L.

CAPÍTULO 2: AVALIAÇÃO GENÉTICA DA HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS RESIDUAIS E DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES EM PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE *Pinus taeda* L.

1. INTRODUÇÃO

O gênero *Pinus* apresenta grande importância econômica em regiões de clima subtropical no Brasil, em especial nos estados do Paraná e Santa Catarina. Entre as espécies plantadas, o *Pinus taeda* L. tem se destacado desde sua introdução no país, quando comparado com outras espécies do mesmo gênero, devido ao seu bom crescimento e elevada qualidade da madeira, utilizado na produção de celulose de fibra longa pelo processo Kraft, na produção de madeira serrada, laminados, chapas e compensados, apresentando grande adaptação a toda a região de plantio.

As principais características avaliadas em *Pinus taeda* são relacionadas à produtividade e a qualidade da madeira, de acordo com o objetivo da produção. Para celulose, aspectos relacionados à produtividade volumétrica e a qualidade da madeira são utilizadas como critérios de seleção em alguns trabalhos de melhoramento.

Em geral, os programas de melhoramento florestal consideram a idade de rotação para a avaliação dos genótipos. Porém, este tempo tem sido reduzido com o objetivo de se obter resultados em curto prazo. Esta redução depende diretamente da espécie avaliada e de sua interação. No caso do *Pinus taeda*, estudos já foram realizados e constataram bons resultados com a seleção precoce. Paludzyszyn Filho, Fernandes e Resende (2002) avaliaram a seleção precoce em progênies de *Pinus taeda* aos 16 e 84 meses de idade, encontrando correlação genética elevada para a variável diâmetro entre idades, revelando que a seleção precoce na primeira avaliação prediz o crescimento da segunda avaliação, reduzindo custos de avaliação e antecipando o desbaste e a oferta de sementes melhoradas.

A avaliação das variáveis diâmetro e altura tem sido muito utilizada em testes para prever a produtividade e estimar os parâmetros genéticos. A avaliação em diferentes locais permite avaliar a interação genótipos x ambientes e obter informações sobre adaptabilidade (DEMERRITT; GARRET, 1996), além de estabilidade e produtividade.

Estes testes, por vezes, são alocados em diferentes locais, o que torna possível avaliar a interação genótipos x ambientes. Segundo Paludzyszyn Filho, Mora e Maestri (2001), quando os testes de progênies são realizados em vários locais, se caracterizam o desempenho relativo das progênies e a qualidade do ambiente, revelando a interação das progênies com os diferentes locais quando há diferenciação entre os ambientes. Quando ocorre a diferenciação entre ambientes, dependendo da magnitude e do desempenho relativo das progênies, os autores citados sugerem que a seleção dos genitores deve ser realizada para atender às necessidades específicas dos locais, ou seja, cada local como um programa de melhoramento. A seleção dos melhores indivíduos para todo o programa, neste caso, ocasionou uma perda de potencial genético de 1,5% a 3,3% na média de volume por local, em progênies de *Pinus taeda* avaliadas aos seis anos de idade em quatro diferentes locais (PALUDZYSZYN FILHO; MORA; MAESTRI, 2001).

Para análise e estimação dos parâmetros genéticos atualmente tem sido utilizado a metodologia REML (máxima verossimilhança restrita), em conjunto com a metodologia BLUP (melhor predição linear não viciada), que permite predizer os valores genéticos, mesmo em casos de experimentos desbalanceados. Esta metodologia funciona bem em casos de variâncias residuais homogêneas, onde a herdabilidade média do experimento se aproxima da herdabilidade média do genótipo. Em casos com heterogeneidade de variâncias residuais dentro de tratamentos, o uso de uma herdabilidade média do experimento ocasiona subestimativa ou superestimativa na predição dos valores genéticos. Neste caso, o uso do procedimento BLUP-HET (disponível no software SELEGEN – REML/BLUP), que estima uma herdabilidade para cada genótipo, deve ser preferido.

Este trabalho objetivou avaliar testes de progênies de *Pinus taeda* instalados em cinco locais diferentes para avaliação dos parâmetros genéticos, da heterogeneidade de variâncias e da interação genótipos x ambientes para os caracteres DAP e altura da planta e comparar os procedimentos de predição BLUP e BLUP-HET.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram realizadas análises estatísticas e genéticas da rede experimental de *Pinus taeda* da empresa Klabin S.A., formado por 150 progênies de meio-irmãos, originadas de cinco populações (Mondi I, Mondi II, Zimbábue I, Zimbábue II, Pomares) e em cinco locais (três em Santa Catarina e duas no Paraná). Foram avaliadas as variáveis DAP (diâmetro a altura de 1,30 m) e altura, aos 6 anos de idade. O experimento foi implantado seguindo o delineamento de blocos ao acaso com 6 plantas por parcela, sendo que em Santa Catarina (locais 1, 2 e 3), foram instalados 5 blocos por local e, no Paraná (locais 4 e 5), o experimento foi implantado com 9 blocos por local. O espaçamento utilizado entre as plantas foi de 3 m x 3 m.

Foram analisados os solos de cada local onde os experimentos foram instalados (Quadro 1), com o objetivo de avaliar a interação genótipos x ambientes das famílias em conjunto com as características de solo. Após as análises, os solos foram identificados e classificados de acordo com a produtividade por município, sendo que em Otacílio Costa os sítios foram classificados de 1 (melhor sítio) a 3 (pior sítio) e em Telêmaco Borba os sítios foram classificados em 1 (melhor sítio) e 2 (pior sítio). A região de Otacílio Costa, segundo a classificação climática de Köppen, caracteriza-se como Cfb e a região de Telêmaco Borba encontra-se em uma região de transição climática entre Cfa e Cfb. A região de Otacílio Costa caracteriza-se por apresentar temperaturas inferiores e um maior número de geadas.

As análises foram realizadas pelo procedimento ótimo de estimação de componentes de variância (REML) e de predição de valores genéticos (BLUP e BLUP-HET), usando-se o software SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2002b). Estas variáveis foram analisadas individualmente por local e em conjunto de locais, para avaliação dos componentes de variância.

Município - Estado	Classificação climática de Köppen	Fazenda	Local	Classificação do Solo	Sítio Classificação
Otacílio Costa - SC	Cfb	Alexandrina	1	Latosolo Bruno, alumínico, textura argilosa, relevo suave ondulado e ondulado.	Sítio 2
		Cerro Rico	2	Cambissolo Húmico, alumínico, léptico, textura argilosa, relevo suave ondulado e ondulado.	Sítio 1
		Bom Retiro	3	Cambissolo Háplico, alumínico, léptico, textura muito argilosa, relevo suave ondulado e ondulado.	Sítio 3
Telêmaco Borba - PR	Cfa/Cfb	Imbauzinho	4	Cambissolo Háplico, textura média, relevo ondulado e forte ondulado.	Sítio 1
		Invernadinha	5	Neossolo Quartzarênico, textura arenosa e média leve, relevo suave ondulado e forte ondulado.	Sítio 2

QUADRO 1 - LOCALIZAÇÃO DAS FAZENDAS E O TIPO DO SOLO ONDE FORAM INSTALADOS OS EXPERIMENTOS COM *Pinus taeda*

Para realização das análises das variáveis de maneira individual por local, utilizou-se o Modelo 1 do software SELEGEN (RESENDE, 2002b), com o modelo linear misto (modelo aditivo univariado) descrito por Resende (2002a):

$$y = Xb + Za + Wc + e, \text{ em que:}$$

y , b , a , c e e : vetores de dados, dos efeitos de blocos (fixos), dos efeitos genéticos aditivos (aleatórios), de efeitos de parcela (aleatórios) e dos erros aleatórios, respectivamente.

X , Z e W : matrizes de incidência para b , a e c , respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias (RESENDE, 2002a):

$$y|b, V \sim N(Xb, V)$$

$$a|A, \sigma_a^2 \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

$$c|\sigma_c^2 \sim N(0, I\sigma_c^2)$$

$$e|\sigma_e^2 \sim N(0, I\sigma_e^2)$$

$$\text{Cov}(a, c') = 0; \quad \text{Cov}(a, e') = 0; \quad \text{Cov}(c, e') = 0$$

Ou seja:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad \text{e} \quad \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WC & R \\ GZ' & G & 0 & 0 \\ CW' & 0 & C & 0 \\ R & 0 & 0 & R \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$G = A\sigma_a^2$$

$$R = I\sigma_e^2$$

$$C = I\sigma_c^2$$

$$V = ZA\sigma_a^2 Z' + WI\sigma_c^2 W' + I\sigma_e^2 = ZGZ' + WCW' + R.$$

Equações de modelo misto

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1-h^2-c^2}{h^2};$$

$$\lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{1-h^2-c^2}{c^2};$$

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2} : \text{herdabilidade individual no sentido restrito do bloco.}$$

$$c^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2} : \text{correlação devida ao ambiente comum da parcela.}$$

σ_a^2 : variância genética aditiva.

σ_c^2 : variância entre parcelas.

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

A : matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos em avaliação.

Neste modelo, os componentes de média (BLUP individual) resultam na classificação individual e por progênes, de acordo com os valores genéticos aditivos preditos. Este modelo resulta, também, nos seguintes componentes de variância (REML individual)(RESENDE, 2007a):

σ_a^2 : variância genética aditiva;

σ_{parc}^2 : variância ambiental entre parcelas;

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

σ_f^2 : variância fenotípica individual;

h_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito no bloco (efeitos aditivos);

h_{aj}^2 : herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela;

c_{parc}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

h_{mp}^2 : herdabilidade da média de progênie;

Acprog: acurácia da seleção de progênes e genitores;

h_{ad}^2 : herdabilidade aditiva dentro da parcela;

CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual;

CVgp%: coeficiente de variação genotípica entre progênes;

CVe%: coeficiente de variação residual;

CVr: coeficiente de variação relativa (*CVgp/CVe*);

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie;

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie.

Foram determinadas as correlações entre os valores genéticos preditos entre os procedimentos BLUP e BLUP-HET para cada local e as correlações entre as variáveis DAP e altura para cada procedimento.

A análise das variáveis considerando todos os locais foi realizada através do Modelo 51 do software SELEGEN (RESENDE, 2002b). Este modelo complementa o Modelo 1 já apresentado, resultando nos componentes de variância e predição dos valores genéticos considerando todos os locais, além de ser possível avaliar a interação entre genótipo e ambiente, através da avaliação da adaptabilidade e

estabilidade das progênies em relação aos diferentes locais. Utiliza o seguinte modelo estatístico (RESENDE, 2007a):

$$y = Xr + Zg + Wp + Ti + e, \text{ em que:}$$

y, r, g, p, i e e : vetores de dados, dos efeitos de blocos (fixos), dos efeitos genéticos aditivos (aleatórios), de efeitos de parcela (aleatórios), dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e dos erros aleatórios, respectivamente.

X, Z, W e T : matrizes de incidência para r, g, p e i , respectivamente.

Além da classificação individual e por progênies, este modelo resulta nos seguintes componentes de variância (RESENDE, 2007a):

σ_g^2 : variância genética aditiva;

σ_{parc}^2 : variância ambiental entre parcelas;

σ_{int}^2 : variância da interação genótipos x ambientes;

σ_e^2 : variância residual;

σ_f^2 : variância fenotípica individual;

h_g^2 : herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos;

c_{parc}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c_{int}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes;

h_{mg}^2 : herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa;

$Acgen$: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa;

$CV_{gi}\%$: coeficiente de variação genética aditiva individual;

$CV_e\%$: coeficiente de variação residual;

Com os valores genéticos estimados, foram realizadas as correlações entre as duas variáveis estimadas por local e ainda a correlação entre locais (tomados dois a dois e conjunta) para cada variável, utilizando o Modelo 4 do SELEGEN (RESENDE, 2002b).

Também foram realizadas análises de produtividade, adaptabilidade e estabilidade. Estas análises, feitas através do Modelo 51 (RESENDE, 2002b),

permitiu avaliar a produtividade, a estabilidade (através da média harmônica dos valores genéticos através dos locais – MHVG), a adaptabilidade (através da performance relativa dos valores genéticos em relação a média de cada local – PRVG) e a estabilidade e a adaptabilidade simultaneamente, através da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG), conforme RESENDE (2007a). Os maiores valores das médias harmônicas da performance relativa são obtidos pelas famílias que apresentam menores valores para o desvio padrão do comportamento genotípico através dos locais, indicando assim uma maior adaptabilidade e estabilidade.

Com os valores genéticos preditos, realizou-se uma simulação do ganho genético entre progênies, considerando uma intensidade de seleção de 20% (30 progênies de um total de 150), por local e pelos critérios que levam em consideração todos os locais em conjunto, para comparação dos ganhos estimados e da nova média esperada da população.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 ANÁLISE POR LOCAL

Os componentes de variância e parâmetros genéticos estimados por local para DAP estão descritos na Tabela 1. Nos sítios mais produtivos (sítio 1) de cada região de plantio (locais 2 e 4), os resultados foram muito próximos para as herdabilidades e para os coeficientes de variação, apresentando valores melhores que nos demais locais de cada região. Neste caso, a diferença geográfica entre as regiões não ocasionou grandes interferências no desenvolvimento e na expressão do potencial genético das progênes, apresentando valores relativamente próximos, mas com uma média geral do DAP superior em Otacílio Costa. Considerando todos os locais, os valores médios dos diâmetros obtidos nos experimentos instalados em Otacílio Costa foi um pouco superior aos obtidos em Telêmaco Borba, devido, além da diferença entre solos, às características climáticas de cada região.

Nos locais avaliados em Otacílio Costa, o sítio mais produtivo (sítio 1) apresentou maiores valores para a variância genética aditiva, variância fenotípica, para as herdabilidades, acurácia e coeficientes de variação genética aditiva individual e genotípica entre progênes. Neste caso, o melhor sítio apresentou melhores condições para algumas progênes expressarem seu potencial genético e seu crescimento em diâmetro, elevando assim o potencial de ganho genético neste local. Comparando os resultados preditos para o sítio 1 e o sítio 2, a herdabilidade aditiva dentro de parcela e as herdabilidades individuais no sentido restrito do bloco e ajustada para os efeitos de parcela, o sítio 1 apresentou resultados aproximadamente duas vezes superior ao sítio 2. Neste caso, o sítio 2 apresentou uma menor variação entre os genótipos, ocasionando uma redução nestas estimativas. Por outro lado, o sítio 3, apesar de apresentar os menores diâmetros, teve maiores variações e herdabilidades que o sítio 2, apresentando, neste caso, melhores condições para detectar a variação existente e, conseqüentemente, maiores chances de ganhos genéticos através da seleção que o sítio 2.

Em Telêmaco Borba, o sítio 1 apresentou maiores valores para a variância genética aditiva e para todas as herdabilidades estimadas, assim como para os coeficientes de variação genética aditiva individual e genotípica entre progênes,

apresentando, além de maior produtividade, maiores chances de ganhos genéticos através da seleção.

Em um contexto geral, a variação dos parâmetros genéticos não está ligada diretamente à produtividade, mas sim ao potencial de desenvolvimento e expressão do crescimento das progênies em cada local.

TABELA 1 - COMPONENTES DE VARIÂNCIA ESTIMADOS EM CINCO DIFERENTES LOCAIS PARA A VARIÁVEL DAP EM PROGÊNIES DE *Pinus taeda*

Parâmetro	Otacílio Costa - SC			Telêmaco Borba - PR	
	Local 1 – Sítio 2	Local 2 – Sítio 1	Local 3 – Sítio 3	Local 4 – Sítio 1	Local 5 – Sítio 2
σ_a^2	1,416012	3,954497	2,303947	5,901398	2,696955
σ_{parc}^2	0,149732	0,038663	0,321149	0,157365	0,195547
σ_e^2	6,234376	6,000579	4,978075	7,554692	6,433616
σ_f^2	7,800120	9,993739	7,603171	13,613454	9,326118
h_a^2	0,181537 $\pm 0,0365$	0,395697 $\pm 0,0538$	0,303024 $\pm 0,047$	0,433497 $\pm 0,0424$	0,289183 $\pm 0,0349$
h_{aj}^2	0,185090	0,397234	0,316388	0,438567	0,295376
c_{parc}^2	0,019196	0,003869	0,042239	0,011559	0,020968
h_{mp}^2	0,866306	0,941594	0,909157	0,968573	0,949760
<i>Acprog</i>	0,930756	0,970358	0,953497	0,984161	0,974557
h_{ad}^2	0,145553	0,330774	0,257672	0,369430	0,239195
CVgi%	6,534729	10,125376	9,146263	13,268918	9,927580
CVgp%	3,267365	5,062688	4,573131	6,634459	4,963790
CVe%	6,417813	6,304444	7,227881	8,016716	7,658352
CVr	0,509109	0,803035	0,632707	0,827578	0,648154
PEV	0,047328	0,057741	0,052325	0,046366	0,033873
SEP	0,217550	0,240294	0,228746	0,215327	0,184047
Média geral	18,209830	19,639681	16,595584	18,308043	16,542208

FONTE: O AUTOR (2010)

NOTA: σ_a^2 : variância genética aditiva; σ_{parc}^2 : variância ambiental entre parcelas; σ_e^2 : variância residual dentro de parcelas; σ_f^2 : variância fenotípica individual; h_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito no bloco; h_{aj}^2 : herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela; c_{parc}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h_{mp}^2 : herdabilidade da média de progênie; *Acprog*: acurácia da seleção de progênies e genitores; h_{ad}^2 : herdabilidade aditiva dentro da parcela; CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual; CVgp%: coeficiente de variação genotípica entre progênies; CVe%: coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie.

Os componentes de variância e parâmetros genéticos estimados por local para a altura estão descritos na Tabela 2. Semelhante ao ocorrido para o DAP, os sítios mais produtivos de cada região apresentaram, para a altura, maiores valores para a variância genética aditiva, maiores herdabilidades e maiores coeficientes de variação genética aditiva individual e genotípica entre progênies, por apresentar melhores condições de desenvolvimento de algumas progênies, proporcionando maiores ganhos genéticos com a seleção.

Em Otacílio Costa, o sítio 3, apesar de apresentar menor crescimento em altura, apresentou herdabilidades individuais no sentido restrito no bloco, ajustada para os efeitos de parcela e aditiva dentro da parcela, cerca de 2,5 vezes superior ao sítio 2. Em relação a ganhos genéticos, o sítio 2, entre os analisados, proporcionará menor ganho com a seleção dos melhores genótipos. O sítio 1 apresentou, para as mesmas herdabilidades, valores entre 3,5 a 3,8 vezes superior ao sítio 2, ou seja, no sítio 2, apesar de maior crescimento que o sítio 3, o potencial genético das progênies são menos perceptíveis. Estas relações permitem complementar a avaliação do potencial genético dos experimentos, demonstrando as maiores possibilidades de ganho mediante seleção genética nos sítios 1 e 3 para a característica altura.

TABELA 2 - COMPONENTES DE VARIÂNCIA ESTIMADOS EM CINCO DIFERENTES LOCAIS PARA A VARIÁVEL ALTURA EM PROGÊNIES DE *Pinus taeda*

Parâmetro	Otacílio Costa - SC			Telêmaco Borba - PR	
	Local 1 – Sítio 2	Local 2 – Sítio 1	Local 3 – Sítio 3	Local 4 – Sítio 1	Local 5 – Sítio 2
σ_a^2	0,110502	0,438256	0,237800	1,434709	0,472567
σ_{parc}^2	0,106252	0,103258	0,099423	0,208638	0,195308
σ_e^2	0,978707	0,770881	0,718334	1,026669	1,155010
σ_f^2	1,195462	1,312394	1,055557	2,670016	1,822885
h_a^2	0,092435	0,333936	0,225284	0,537341	0,259241
	$\pm 0,026$	$\pm 0,0494$	$\pm 0,0405$	$\pm 0,0472$	$\pm 0,0331$
h_{aj}^2	0,101452	0,362454	0,248710	0,582889	0,290350
c_{parc}^2	0,088880	0,078679	0,094191	0,078141	0,107142
h_{mp}^2	0,709205	0,905302	0,856568	0,966521	0,922460
<i>Acprog</i>	0,842143	0,951474	0,925510	0,983118	0,960448
h_{ad}^2	0,078069	0,298927	0,198899	0,511738	0,234806
CVgi%	3,020918	5,836815	5,395985	10,503246	7,103544
CVgp%	1,510459	2,918408	2,697993	5,251623	3,551772
CVe%	4,836006	4,719426	5,520166	6,556646	6,907792
CVr	0,312336	0,618382	0,488752	0,800962	0,514169
PEV	0,008033	0,010375	0,008527	0,012008	0,009161
SEP	0,089629	0,101860	0,092342	0,109582	0,095711
Média geral	11,003903	11,341958	9,037217	11,404032	9,677351

FONTE: O AUTOR (2010)

NOTA: σ_a^2 : variância genética aditiva; σ_{parc}^2 : variância ambiental entre parcelas; σ_e^2 : variância residual dentro de parcelas; σ_f^2 : variância fenotípica individual; h_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito no bloco; h_{aj}^2 : herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela; c_{parc}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h_{mp}^2 : herdabilidade da média de progênie; *Acprog*: acurácia da seleção de progênies e genitores; h_{ad}^2 : herdabilidade aditiva dentro da parcela; CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual; CVgp%: coeficiente de variação genotípica entre progênies; CVe%: coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie.

Em Telêmaco Borba, o sítio 1 apresentou, para o caráter altura, herdabilidades no sentido restrito no bloco, ajustada para os efeitos de parcela e aditiva dentro da parcela, cerca de 2 vezes superior aos estimados para o sítio 2. Apesar desta diferença, os dois locais apresentaram herdabilidades elevadas, proporcionando bons ganhos com a seleção genética.

Com relação às herdabilidades aditivas médias de progênes, em cada região analisada, estas foram superiores nos melhores sítios. Considerando todos os locais, estas herdabilidades foram de elevada magnitude (0,709 a 0,968), tanto para DAP quanto para altura, conduzindo a altas acurácias (0,842 a 0,984) na seleção de progênes.

A baixa variância ambiental entre parcelas resultou em baixos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela, explicando também a proximidade entre as herdabilidades individuais no sentido restrito ajustadas e não ajustadas para os efeitos de parcela.

Os coeficientes de variação experimental apresentaram-se de baixa magnitude (inferiores a 8,1%), revelando uma boa precisão experimental, tanto para o DAP quanto para a altura. Os coeficientes de variação genética aditiva individual e genotípica entre progênes apresentaram valores superiores aos coeficientes de variação experimental (exceto para altura nos locais 1 e 3) e demonstram a variabilidade existente no experimento. Os coeficientes de variação relativa foram elevados (0,312 a 0,827).

Devido à magnitude dos componentes de variância estimados por local, bons ganhos genéticos poderão ser obtidos em todos os sítios, principalmente se for utilizada a seleção individual pelo BLUP, a qual considera tanto a variabilidade entre famílias quanto dentro de famílias.

De maneira geral, apesar das diferenças observadas, os valores apresentaram-se parecidos nos cinco locais e para as duas variáveis avaliadas. Essa semelhança nos resultados dos locais e das variáveis pode indicar uma semelhança na produtividade entre ambientes e uma boa correlação entre variáveis, tendo em vista que são os mesmos tratamentos.

A heterogeneidade de variâncias residuais e herdabilidades individuais foram estimadas através do procedimento BLUP-HET. A avaliação da heterogeneidade de variâncias residuais para o caráter DAP (Tabela 3) e para a altura (Tabela 4) foi

maior nos locais 2 e 4, ou seja, as variâncias residuais sofreram maior influência do sítio mais produtivo. Neste caso, a heterogeneidade depende da expressão genética no ambiente, acarretando desenvolvimento diferente das progênes em função das características do sítio.

Em Otacílio Costa (local 3 - sítio 3) e em Telêmaco Borba (local 5 – sítio 2), a qualidade inferior do sítio em termos de incremento diamétrico e em altura expressou menos a variação residual existente, apresentando, neste caso, média das variâncias residuais por progênes inferior. Em relação à herdabilidade média de progênie (Tabelas 3 e 4), as maiores herdabilidades médias são observadas nos melhores sítios (locais 2 e 4), por apresentar melhores condições de expressão genética.

TABELA 3 - RESULTADOS MÉDIOS, VARIÂNCIA, DESVIO PADRÃO, VALORES MÁXIMOS E MÍNIMOS OBTIDOS PARA A VARIÂNCIA RESIDUAL E HERDABILIDADE DAS PROGÊNES DE *Pinus taeda* POR LOCAL, PARA A VARIÁVEL DAP

Parâmetro	Otacílio Costa - SC			Telêmaco Borba - PR	
	Local 1 – Sítio 2	Local 2 – Sítio 1	Local 3 – Sítio 3	Local 4 – Sítio 1	Local 5 – Sítio 2
Variância Residual das Progênes					
Média	7,2214	8,9288	6,5776	11,8563	8,3307
Variância	9,5611	14,1576	12,2741	14,5486	8,8519
Desvio padrão	3,0921	3,7627	3,5034	3,8143	2,9752
Máximo	16,6485	26,4136	22,5775	25,0629	22,9615
Mínimo	2,1727	1,8766	2,4704	5,2134	2,8022
Herdabilidade das Progênes					
Média	0,2154	0,4492	0,3634	0,4714	0,3206
Variância	0,0084	0,0262	0,0182	0,0165	0,0089
Desvio padrão	0,0914	0,1619	0,1349	0,1285	0,0943
Máximo	0,5291	1,0000	0,6842	0,8620	0,7345
Mínimo	0,0826	0,1441	0,0981	0,2211	0,1132

FUNTE: O AUTOR (2010)

Quando se avalia as variâncias residuais e as herdabilidades das progênes, ocorre uma grande variação entre progênes. Observa-se este fato nas Tabelas 3 e 4, onde as amplitudes são elevadas (máximos e mínimos), bem como sua variância. A Tabela 5 demonstra, resumidamente, os valores para as 3 progênes com maiores, médias e menores variâncias residuais obtidas e a Tabela 6 apresenta, para as mesmas progênes, as herdabilidades médias de progênie, considerando apenas a variável DAP. As progênes 24, 24019 e 470 apresentam variâncias residuais médias menores, ou seja, apresentam valores mais próximos. As progênes 308, 41 e 10817 são intermediárias e as progênes 395, 108 e 10905 são as que apresentam maiores variâncias residuais médias. Quanto menor a variância

existente entre locais, menor é a variação observada para as progênes, ou seja, os resultados são mais próximos entre si do que quando comparadas às progênes com maiores variâncias. A elevada diferença existente entre as variâncias residuais mínimas e máximas demonstra a heterogeneidade de variâncias neste experimento.

TABELA 4 - RESULTADOS MÉDIOS, VARIÂNCIA, DESVIO PADRÃO, VALORES MÁXIMOS E MÍNIMOS OBTIDOS PARA A VARIÂNCIA RESIDUAL E HERDABILIDADE DAS PROGÊNES DE *Pinus taeda* POR LOCAL, PARA A VARIÁVEL ALTURA

Parâmetro	Otacílio Costa – SC			Telêmaco Borba - PR	
	Local 1 – Sítio 2	Local 2 – Sítio 1	Local 3 – Sítio 3	Local 4 – Sítio 1	Local 5 – Sítio 2
Variância Residual das Progênes					
Média	1,0273	1,0644	0,8675	2,0228	1,4466
Variância	0,2894	0,3519	0,2845	0,6345	0,3673
Desvio padrão	0,5379	0,5932	0,5334	0,7966	0,6061
Máximo	3,2729	3,8447	2,9938	5,3043	4,0054
Mínimo	0,2791	0,2816	0,1764	0,7028	0,4417
Herdabilidade das Progênes					
Média	0,1139	0,3999	0,2825	0,6049	0,2999
Variância	0,0022	0,0207	0,0137	0,0323	0,0102
Desvio padrão	0,0471	0,1439	0,1168	0,1797	0,1009
Máximo	0,2676	0,8864	0,7093	1,0000	0,6258
Mínimo	0,0324	0,1080	0,0754	0,2443	0,1094

FONTE: O AUTOR (2010)

TABELA 5 - VARIÂNCIAS RESIDUAIS DAS PROGÊNES DE *Pinus taeda* COM MENORES, INTERMEDIÁRIAS E MAIORES VARIÂNCIAS NA ANÁLISE CONJUNTA E POR LOCAL PARA A VARIÁVEL DAP

Ranking em relação às variâncias	Progênie	Otacílio Costa - SC			Telêmaco Borba - PR		Média	Variância
		Local 1 – Sítio 2	Local 2 – Sítio 1	Local 3 – Sítio 3	Local 4 – Sítio 1	Local 5 – Sítio 2		
Menores variâncias	24	6,4894	5,5247	5,2876	6,0718	6,2232	5,9193	0,2488
	24019	8,7354	10,7149	8,4844	9,3682	9,2831	9,3172	0,7473
	470	7,2055	4,5648	6,7279	5,9176	5,5204	5,9872	1,0697
Variâncias intermediárias	308	3,0021	10,5965	3,4262	7,5772	3,7807	5,6765	10,9073
	41	8,9049	13,0752	3,8058	8,1472	9,3558	8,6578	10,9661
	10817	5,3584	11,9947	5,7547	11,8525	6,6262	8,3173	11,0507
Maiores variâncias	395	7,2775	25,5967	7,3962	17,6858	13,4328	14,2778	59,2017
	108	3,1305	6,6962	9,0646	23,4242	8,7860	10,2203	60,1051
	10905	4,0167	26,4136	13,0949	17,2812	22,9615	16,7536	76,9367

FONTE: O AUTOR (2010)

Quanto às herdabilidades individuais por progênie apresentadas na Tabela 6, ocorre uma grande variação entre progênes e até mesmo dentro de progênes entre locais. Neste caso, o uso de uma única herdabilidade média para estimativa do valor genético, como feito pelo procedimento BLUP, pode ocasionar erros de subestimação ou superestimação dos valores genéticos para determinadas progênes, aumentando assim o erro da estimativa. A utilização do procedimento

BLUP-HET, através das herdabilidades individuais por progênie, nestes casos, poderá ocasionar uma melhor estimativa dos valores genéticos e, conseqüentemente, uma redução do erro quadrático médio e aumento da acurácia.

TABELA 6 – EXEMPLO DE HERDABILIDADES INDIVIDUAIS POR PROGÊNIE E POR LOCAL, PARA A VARIÁVEL DAP, EM PROGÊNIES DE *Pinus taeda*

Ranking em relação às variâncias	Progênie	Otacílio Costa - SC			Telêmaco Borba - PR		Média	Variância
		Local 1 – Sítio 2	Local 2 – Sítio 1	Local 3 – Sítio 3	Local 4 – Sítio 1	Local 5 – Sítio 2		
Menores variâncias	24	0,2025	0,6036	0,3725	0,7660	0,3802	0,46496	0,0486
	24019	0,1533	0,3368	0,2456	0,5364	0,2656	0,30754	0,0206
	470	0,1837	0,7072	0,3022	0,7816	0,4220	0,47934	0,0663
Variâncias intermediárias	308	0,4039	0,3402	0,5329	0,6408	0,5799	0,49954	0,0155
	41	0,1505	0,2804	0,4899	0,6034	0,2637	0,35758	0,0338
	10817	0,2416	0,3037	0,3464	0,4376	0,3598	0,33782	0,0052
Maiores variâncias	395	0,1820	0,1485	0,2778	0,3055	0,1886	0,22048	0,0045
	108	0,3896	0,5120	0,2313	0,2355	0,2793	0,32954	0,0144
	10905	0,3133	0,1441	0,1647	0,3120	0,1132	0,20946	0,0092

FONTE: O AUTOR (2010)

Os resultados dos valores fenotípicos apresentados na Tabela 7, especificamente para as progênies 24 (menor variância), 41 (variância média) e 1095 (maior variância) complementam os resultados discutidos em relação à Tabela 5. A progênie 24 apresenta menor heterogeneidade de variâncias por local, na média dos locais e também menor variância dos valores fenotípicos observados em campo. Por outro lado, a progênie 41 apresenta dados intermediários e a progênie 10905 apresenta maior heterogeneidade de variâncias residuais e maior variância dos valores fenotípicos.

TABELA 7 - VALORES MÉDIOS, MÍNIMOS, MÁXIMOS E VARIÂNCIA DOS VALORES FENOTÍPICOS DAS PROGÊNIES 24, 41 E 10905, CONSIDERANDO TODOS OS EXPERIMENTOS, PARA DAP, EM PROGÊNIES DE *Pinus taeda*

Parâmetro	Progênie 24	Progênie 41	Progênie 10905
Média	18,1455	17,6233	15,1256
Máximo	27,6930	27,0560	23,8732
Mínimo	6,6850	5,0930	2,8648
Variância	9,1251	10,1421	21,5669

FONTE: O AUTOR (2010)

As correlações entre os valores genéticos preditos dos procedimentos BLUP e BLUP-HET por local e variável (Tabela 8) foram elevadas, tanto para DAP quanto para altura, o que conduz praticamente a seleção dos mesmos genótipos. Considerando estas correlações, os dois procedimentos podem ser utilizados como critério de seleção.

TABELA 8 - CORRELAÇÃO ENTRE OS VALORES GENÉTICOS PREDITOS PELOS PROCEDIMENTOS BLUP E BLUP-HET POR LOCAL, PARA AS VARIÁVEIS DAP E ALTURA, EM PROGÊNIES DE *Pinus taeda*

Município	Local	DAP	Altura
Otacílio Costa - SC	Local 1 – Sítio 2	0,989137	0,979049
	Local 2 – Sítio 1	0,989878	0,992718
	Local 3 – Sítio 3	0,989754	0,986107
Telêmaco Borba - PR	Local 4 – Sítio 1	0,999153	0,999588
	Local 5 – Sítio 2	0,997215	0,998284

FONTE: O AUTOR (2010)

As correlações entre as variáveis DAP e altura pelos procedimentos BLUP e BLUP-HET também foram altas, sendo positiva e superior a 72% em todos os locais (Tabela 9). Não ocorreu uma tendência de aumento ou diminuição das correlações em função da qualidade do sítio. Correlações altas entre estes caracteres também foram encontradas por Paludzyszyn Filho, Fernandes e Resende (2002), sendo de 0,94 aos 84 meses de idade e por Duda (2003), variando de 0,80 a 0,94, de acordo com o local. Correlações elevadas e positivas sugerem que a seleção para um caráter deve levar a fortes respostas indiretas nos outros (BLADA, 2003). A avaliação aos seis anos, apesar da idade relativamente baixa, não se torna problemática, pois o uso de idades relativamente reduzidas já foram avaliadas por outros pesquisadores e, no caso do *Pinus taeda*, idades reduzidas apresentam alta correlação com idades avançadas. Paludzyszyn Filho, Shimoyama e Mora (2003) avaliaram progênies de *Pinus taeda* aos 16 e 84 meses de idade e encontraram correlações genéticas entre idades de alta magnitude para diâmetro, não havendo necessidade de se esperar todo o ciclo de produção para a avaliação genética. Com estas correlações elevadas, o uso do DAP (por ser uma característica de maior facilidade de obtenção e com menor erro de medição) na seleção deve ser preferido, ocasionando um ganho indireto na altura.

TABELA 9 - CORRELAÇÃO ENTRE AS VARIÁVEIS DAP E ALTURA POR LOCAL, PARA O PROCEDIMENTO BLUP E PARA O PROCEDIMENTO PLUP-HET, EM PROGÊNIES DE *Pinus taeda*

Município	Local	BLUP	BLUP-HET
Otacílio Costa – SC	Local 1 – Sítio 2	0,728608	0,733329
	Local 2 – Sítio 1	0,778173	0,772093
	Local 3 – Sítio 3	0,842272	0,834003
Telêmaco Borba – PR	Local 4 – Sítio 1	0,888719	0,887058
	Local 5 – Sítio 2	0,856217	0,851396

FONTE: O AUTOR (2010)

Nestas condições, apesar dos dois procedimentos conduzirem aos mesmos resultados práticos, o procedimento BLUP-HET deve ser preferido para estimação dos parâmetros genéticos e seleção, pois com a heterogeneidade de variâncias residuais, a estimativa de herdabilidade individual por progênie se torna mais precisa do que utilizando a herdabilidade média do local.

3.2 ANÁLISE CONJUNTA

Foram estimados os componentes de variância através da análise conjunta para DAP e para altura (Tabela 10). Pode-se verificar nestas análises a baixa variância ambiental entre parcelas e baixa variância da interação genótipos x ambientes, resultando em baixos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela e dos efeitos da interação genótipos x ambientes. As herdabilidades das médias dos genótipos apresentaram valores altos, conduzindo também a altos valores de acurácias, tanto para DAP quanto para altura. Os coeficientes de variação residual e genética livre da interação genótipos x ambientes apresentaram-se de baixa magnitude.

As diferenças obtidas entre os componentes de variância através das análises conjuntas (Tabela 10) e as análises individuais (Tabelas 1 e 2) se deve ao fato de se analisar todo o experimento em conjunto, obtendo componentes de variância médios entre os locais.

As correlações genéticas entre o comportamento das progênies através dos locais (Tabela 11), tomadas duas a duas e em grupo permitem inferir que as correlações foram de menor magnitude para o caráter altura (entre 0,179 a 0,803). Duda (2003) encontrou correlações de alta magnitude avaliando três locais, analisados dois a dois, sendo que para o DAP variaram entre 0,85 a 0,94 e para a altura as correlações variaram entre 0,81 a 0,92. Hodge, Ferreira e Veiga (2003) encontraram uma interação praticamente nula entre genótipo e ambiente, sugerindo uma correlação próxima a 1. No entanto, a altura apresenta menor precisão de mensuração do que o diâmetro, sendo, portanto, mais sujeitos aos erros de medição. Também, o diâmetro é mais correlacionado com o volume do que a altura, pois o volume é uma função do quadrado do diâmetro. Devido a esses motivos, os resultados referentes ao diâmetro são mais relevantes.

TABELA 10 - COMPONENTES DE VARIÂNCIA ESTIMADOS ATRAVÉS DA ANÁLISE CONJUNTA PARA DAP E ALTURA EM PROGÊNIES DE *Pinus taeda*

Parâmetro	DAP	Altura
σ^2_g	0,569836	0,091234
σ^2_{parc}	0,192854	0,151992
σ^2_{int}	0,242881	0,068143
σ^2_e	9,040684	1,447398
σ^2_f	10,04626	1,758768
h^2_g	0,056721 \pm 0,004	0,051874 \pm 0,0038
c^2_{parc}	0,019197	0,08642
c^2_{int}	0,024176	0,038745
h^2_{mg}	0,905312	0,849094
Acgen	0,951479	0,921463
CVgi%	4,252712	2,875806
CVe%	7,344609	5,970383
Média geral	17,75044	10,50313

FONTE: O AUTOR (2010)

NOTA: σ^2_g : variância genética aditiva σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_{int} : variância da interação genótipos x ambientes; σ^2_e : variância residual; σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_g : herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; c^2_{int} : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes; h^2_{mg} : herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa; Acgen: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa; CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual; CVe%: coeficiente de variação residual.

TABELA 11 - CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE O COMPORTAMENTO DAS PROGÊNIES DE *Pinus taeda* ATRAVÉS DOS LOCAIS TOMADOS DOIS A DOIS POR LOCAL, ENTRE LOCAIS E EM GRUPO

Correlação por Município	Combinação entre locais	DAP	Altura
Otacílio Costa - SC	Locais 1 e 2	0,376	0,179
	Locais 1 e 3	0,547	0,384
	Locais 2 e 3	0,941	0,742
Telêmaco Borba - PR	Locais 4 e 5	0,791	0,691
Otacílio Costa – SC x Telêmaco Borba - PR	Locais 1 e 4	0,356	0,305
	Locais 1 e 5	0,432	0,389
	Locais 2 e 4	0,829	0,740
	Locais 2 e 5	0,808	0,803
	Locais 3 e 4	0,747	0,514
	Locais 3 e 5	0,779	0,683
	Locais 2, 3, 4 e 5	0,799	0,666
	Locais 1, 2, 3, 4 e 5	0,701	0,572

FONTE: O AUTOR (2010)

Para o caráter diâmetro, constata-se que quatro (2, 3, 4 e 5) dos cinco ambientes foram altamente correlacionados, com uma correlação de 0,799 na análise conjunta dos quatro ambientes, simultaneamente. Isto significa uma coincidência de 8 progênies dentre as 10 melhores selecionadas em cada local.

Nesses ambientes, as correlações entre locais tomados dois a dois variaram de 0,747 a 0,941.

A avaliação de progênies em diferentes locais é fundamental em testes genéticos, pois diferentes resultados podem ser obtidos de acordo com cada local. Falkenhagen (1989) encontrou forte interferência do sítio na correlação entre altura e diâmetro, avaliando experimentos com *Pinus elliotti* na África do Sul, em diferentes regiões climáticas. Paludzyszyn Filho, Mora e Maestri (2001), avaliaram progênies de *Pinus taeda* em quatro diferentes locais e sugerem que o programa de melhoramento deve ser específico por local. Por outro lado, Duda (2003) sugere um único programa de melhoramento de *Pinus taeda* avaliando três diferentes locais, devido à alta correlação genética. A opção pela seleção por local ou conjunta depende diretamente dos genótipos selecionados em cada local, suas herdabilidades e correlações genéticas.

Correlações acima de 2/3 ou 0,67 são consideradas altas e indicam que um só programa de melhoramento atende satisfatoriamente a todos os locais simultaneamente (RESENDE, 2002a). Neste estudo, a análise considerando todos os locais também foi alta, podendo, em ambos os lugares, ser utilizada a mesma seleção para o programa de melhoramento. Considerando todos os locais, a correlação foi de 0,701, e apesar de ser inferior ao valor obtido nos quatro ambientes, também foi alta.

Verifica-se ainda pela Tabela 11 que o local 1 apresentou correlações genéticas de menores magnitudes com os demais locais, em média em torno de 0,43 para DAP. Entretanto, tal local é representativo de uma área de plantio muito pequena. Mesmo assim, há uma coincidência de quatro progênies dentre as 10 melhores selecionadas em cada local.

A heterogeneidade de variâncias residuais e da herdabilidade, considerando todo o experimento, foi alta (Tabela 12), com elevada amplitude. Tais valores também podem ser observados na Tabela 13, onde são apresentadas as 3 progênies com menores variâncias residuais (progênies 10278, 308 e 10933), 3 progênies intermediárias (progênies 41, 24007 e 10817) e 3 progênies com maiores variâncias residuais (progênies 21018, 101 e 10905).

TABELA 12 - VARIÂNCIA RESIDUAL E HERDABILIDADE PARA DAP, CONSIDERANDO OS 5 LOCAIS E TODAS AS PROGÊNIES DE *Pinus taeda*

Parâmetro	Variância Residual	h ² individual
Média	8,8217	0,2410
Máximo	17,4862	0,3715
Mínimo	5,1298	0,1233
Variância	4,1656	0,0021

FONTE: O AUTOR (2010)

TABELA 13 - VARIÂNCIA RESIDUAL E HERDABILIDADE PARA DAP, CONSIDERANDO AS 3 PROGÊNIES DE *Pinus taeda* COM MENORES, MÉDIAS E MAIORES VARIÂNCIAS RESIDUAIS, CONSIDERANDO OS 5 LOCAIS AVALIADOS

Ranking em relação às variâncias	Progênie	Variância Residual	h ² individual
Menores variâncias	10278	5,1298	0,3715
	308	5,5584	0,3473
	10933	5,5695	0,3467
Variâncias médias	41	8,462	0,2408
	24007	8,5078	0,2396
	10817	8,5174	0,2394
Maiores variâncias	21018	15,124	0,1413
	101	16,2011	0,1325
	10905	17,4862	0,1233

FONTE: O AUTOR (2010)

Assim como observado nas análises por local, a análise conjunta também demonstra a heterogeneidade das variâncias residuais e a variação existente entre as herdabilidades médias por progênie, porém, por considerar todos os locais em conjunto, esta variância é menor. Devido a esta heterogeneidade, o procedimento BLUP-HET pode conduzir a estimativas mais precisas dos valores genéticos.

Verificou-se ainda a seleção das 30 melhores progênies (20% de intensidade de seleção) pelos critérios de produtividade e estabilidade (MHVG) (Tabela 14), produtividade e adaptabilidade (PRVGxMG) (Tabela 15), pelos critérios de produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVGxMG) (Tabela 16) e produtividade média em todos os locais (valor genético capitalizando a interação média com todos os locais) (Tabela 17) para as variáveis DAP e altura.

TABELA 14 - CLASSIFICAÇÃO DOS VALORES GENÉTICOS PELOS CRITÉRIOS DE PRODUTIVIDADE E ESTABILIDADE (MHVG) PARA DAP E ALTURA DAS 30 MELHORES PROGÊNIES DE *Pinus taeda*

Ordem	DAP		Altura	
	Progênie	MHVG	Progênie	MHVG
1	119	19,365	81	11,050
2	3020	19,329	24009	11,031
3	81	19,146	21019	10,972
4	22011	19,084	3020	10,952
5	370	19,065	23013	10,948
6	23013	19,048	33	10,946
7	22013	19,024	24002	10,943
8	24011	19,013	24001	10,912
9	10843	18,994	370	10,904
10	21019	18,960	24011	10,870
11	24002	18,959	24004	10,835
12	24009	18,836	24019	10,805
13	24004	18,833	8	10,788
14	10318	18,824	119	10,764
15	8	18,804	22011	10,729
16	24001	18,774	460	10,718
17	68	18,755	22013	10,712
18	24017	18,746	7	10,711
19	10922	18,711	504	10,707
20	401	18,667	24010	10,694
21	108	18,651	505	10,687
22	22015	18,588	68	10,681
23	10780	18,585	401	10,674
24	308	18,513	21020	10,674
25	33	18,488	24014	10,673
26	10830	18,486	10318	10,666
27	21020	18,469	22015	10,662
28	10819	18,444	110	10,646
29	10781	18,426	10781	10,638
30	504	18,416	10819	10,636

FONTE: O AUTOR (2010)

TABELA 15 - CLASSIFICAÇÃO DOS VALORES GENÉTICOS PELOS CRITÉRIOS DE PRODUTIVIDADE E ADAPTABILIDADE (PRVGXMG) PARA DAP E ALTURA DAS 30 MELHORES PROGÊNIES DE *Pinus taeda*

Ordem	DAP		Altura	
	Progênie	PRVG*MG	Progênie	PRVG*MG
1	119	19,331	24009	11,143
2	3020	19,319	21019	11,088
3	22011	19,057	23013	11,078
4	370	19,028	3020	11,074
5	23013	19,023	24002	11,054
6	22013	18,993	24001	11,040
7	24011	18,977	370	11,008
8	10843	18,966	24004	10,974
9	21019	18,933	24011	10,971
10	24002	18,917	24019	10,927
11	24004	18,816	8	10,898
12	24009	18,803	119	10,866
13	8	18,782	22011	10,848
14	68	18,755	33	10,847
15	24001	18,750	460	10,827
16	24017	18,716	22013	10,826
17	10922	18,682	7	10,822
18	401	18,643	504	10,818
19	108	18,615	24010	10,808
20	22015	18,558	68	10,801
21	10780	18,555	505	10,792
22	308	18,473	24014	10,784
23	10830	18,465	401	10,780
24	10318	18,442	21020	10,776
25	21020	18,437	22015	10,766
26	10819	18,400	110	10,753
27	504	18,387	24017	10,738
28	10845	18,356	10819	10,729
29	113	18,332	10845	10,721
30	10827	18,313	113	10,715

FONTE: O AUTOR (2010)

TABELA 16 - CLASSIFICAÇÃO DOS VALORES GENÉTICOS PELOS CRITÉRIOS DE PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE (MHPRVG*MG) PARA DAP E ALTURA DAS 30 MELHORES PROGÊNIES DE *Pinus taeda*

Ordem	DAP		Altura	
	Progênie	MHPRVG*MG	Progênie	MHPRVG*MG
1	119	19,330	24009	11,140
2	3020	19,307	21019	11,084
3	22011	19,049	3020	11,070
4	370	19,022	23013	11,069
5	23013	19,014	24002	11,050
6	22013	18,983	24001	11,033
7	24011	18,975	370	11,007
8	10843	18,958	24011	10,969
9	21019	18,924	24004	10,964
10	24002	18,910	24019	10,921
11	24004	18,808	8	10,895
12	24009	18,800	119	10,866
13	8	18,773	33	10,845
14	24001	18,741	22011	10,843
15	68	18,738	460	10,826
16	24017	18,714	22013	10,823
17	10922	18,681	7	10,820
18	401	18,640	504	10,817
19	108	18,613	24010	10,805
20	22015	18,555	68	10,795
21	10780	18,554	505	10,790
22	308	18,472	24014	10,783
23	10830	18,462	401	10,780
24	10318	18,435	21020	10,774
25	21020	18,429	22015	10,765
26	10819	18,394	110	10,753
27	504	18,386	24017	10,737
28	10845	18,354	10819	10,726
29	113	18,330	10845	10,720
30	125	18,308	113	10,714

FONTE: O AUTOR (2010)

TABELA 17 - CLASSIFICAÇÃO DOS VALORES GENÉTICOS ADICIONADOS DA INTERAÇÃO MÉDIA NOS VÁRIOS LOCAIS (U+G+GEM) PARA DAP E ALTURA DAS 30 MELHORES PROGÊNIES DE *Pinus taeda*

Ordem	DAP		Altura	
	Progênie	u+g+gem	Genotipo	u+g+gem
1	3020	19,341	24009	11,143
2	119	19,339	21019	11,090
3	22011	19,062	23013	11,089
4	23013	19,029	3020	11,083
5	370	19,025	24001	11,052
6	22013	18,991	24002	11,051
7	24011	18,979	370	11,001
8	10843	18,969	24004	10,994
9	21019	18,937	24011	10,962
10	24002	18,906	24019	10,936
11	24004	18,829	8	10,898
12	24009	18,806	119	10,861
13	8	18,791	22011	10,855
14	68	18,776	33	10,839
15	24001	18,756	22013	10,831
16	24017	18,723	460	10,828
17	10922	18,691	7	10,825
18	401	18,654	504	10,820
19	108	18,615	24010	10,812
20	22015	18,562	68	10,809
21	10780	18,561	505	10,788
22	10830	18,477	24014	10,788
23	308	18,469	401	10,779
24	10318	18,444	21020	10,770
25	21020	18,433	22015	10,763
26	504	18,392	110	10,754
27	10819	18,386	24017	10,736
28	10845	18,354	10845	10,717
29	10827	18,332	44	10,714
30	113	18,325	10819	10,714

FONTE: O AUTOR (2010)

A seleção das 30 melhores progênies apresentou uma seleção comum entre DAP e altura de 23 progênies pelo critério de produtividade e estabilidade (MHVG), 21 progênies pelos valores genotípicos adicionados da interação média nos vários locais (u + g + gem) e 22 progênies para os critérios de produtividade e adaptabilidade (PRVG) e produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVGxMG). Esta elevada coincidência (superior a 2/3) já era esperada, conforme discutido nas análises de correlações e considerando todos os ambientes em conjunto.

A seleção das 30 melhores progênies para cada característica entre os critérios utilizados apresentou pelo menos 27 progênies em comum, neste caso,

entre o critério de produtividade e estabilidade (MHVG) com os demais. Os outros critérios apresentaram entre 28 a 30 progênies em comum. Assim, a seleção pelo valor genético resulta, neste caso, também na seleção para adaptabilidade e estabilidade, apresentando assim, as melhores produtividades e a menor interação entre genótipos x ambientes.

A avaliação da produtividade, adaptabilidade e estabilidade deve ser realizada com foco em melhorar e aumentar a produtividade, reduzindo custos na implantação futura. Isso irá depender do comportamento das progênies em cada sítio e, somente após esta avaliação, definir quais serão os melhores critérios de seleção. SUN (2004) avaliou a adaptabilidade e estabilidade de famílias introduzidas de *Pinus taeda* na província de Fujian, na China, encontrando diferença entre famílias e entre locais, observando que um dos locais era mais propício ao crescimento em diâmetro e volume, outro local apresentou maior crescimento em altura e um terceiro local apresentou redução em todas as características avaliadas. O autor pode identificar famílias específicas por local para produtividade e, no conjunto de locais, algumas selecionadas com foco de adaptabilidade e estabilidade. Porém, avaliando estes experimentos instalados no Paraná e em Santa Catarina, a diferença entre locais foi baixa, conduzindo praticamente a seleção dos melhores genótipos para ambos os lugares.

Na Tabela 18 estão descritos os valores médios, amplitudes e variâncias para DAP e altura. Avaliando a heterogeneidade das variâncias residuais e as herdabilidades médias por progênies, observa-se uma grande diferença entre as progênies. No caso das variâncias residuais, a amplitude é elevada para todas as variáveis, assim como a herdabilidade. Para DAP e altura, as médias das herdabilidades individuais considerando todo o experimento foi de 0,056 e 0,051, respectivamente (apresentado na Tabela 10). Porém, quando se observa os valores máximos e mínimos descritos na Tabela 18, assim como as variâncias, algumas progênies apresentam maiores herdabilidades. Apesar da seleção através do valor médio conduzir a resultados semelhantes aos obtidos pelas herdabilidades individuais, a estimação dos parâmetros considerando cada progênie individualmente aumenta a eficiência na predição dos valores genéticos.

TABELA 18 - VARIÂNCIA RESIDUAL E HERDABILIDADE PARA DAP E ALTURA CONSIDERANDO TODOS OS LOCAIS EM CONJUNTO E TODAS AS PROGÊNIES DE *Pinus taeda*

Parâmetro	DAP		Altura	
	Variância Residual	h ²	Variância Residual	h ²
Média	8,821727	0,240991	1,371355	0,227861
Máximo	17,486200	0,371500	3,022900	0,389400
Mínimo	5,129800	0,123300	0,625900	0,109500
Variância	4,165575	0,002091	0,155980	0,002449

FONTE: O AUTOR (2010)

Para Tambarussi et al. (2010), na seleção de plantas superiores em programas de melhoramento, é importante compreender as relações entre herdabilidade e a correlação, além da origem da semente e do sistema reprodutivo da espécie. Levando em consideração os resultados obtidos para os componentes de variância, as altas correlações genéticas entre os locais e entre as variáveis, bem como a semelhança das progênies na avaliação da estabilidade, adaptabilidade e produtividade, constata-se que houve baixa interação genótipos x ambientes entre os locais avaliados. Para Cruz, Regazzi e Carneiro (2004), a interação genótipos x ambientes ocorre quando há respostas diferentes dos genótipos avaliados em relação à variação existente no ambiente. Nunes *et al.* (2002) relatam que a resposta correlacionada pela seleção em um ambiente e ganho em outro sempre foi inferior ao ganho da seleção direta no local, quando há interação significativa.

Porém, neste caso, um único programa de melhoramento de *Pinus taeda* pode ser delineado para atendimento de todas as regiões de plantio da empresa, visto que a interação genótipos x ambientes é de baixa magnitude, corroborado pelas altas correlações genéticas através dos ambientes e pelas semelhanças obtidas pela adaptabilidade, estabilidade e produtividade.

Assim, o programa de cruzamento pode ser único e o material selecionado em cada local pode ser usado em todos os locais, não havendo necessidade de pomares de sementes específicos para cada local, reduzindo os custos dos programas de melhoramento e selecionando os melhores genótipos considerando todos os ambientes em conjunto.

3.3 ESTIMATIVA DO GANHO DE SELEÇÃO

As estimativas do ganho de seleção entre progênes e da média esperada por local (Tabela 19) revelam ganhos que variam por local, sendo de 6,6% a 16,8% para o DAP e de 2% a até 12,4% para altura, considerando uma intensidade de seleção de 20% (30 progênes). Em todos os locais e variáveis, o procedimento BLUP-HET apresentou estimativas pouco maiores do ganho genético do que o procedimento BLUP, que se mostrou mais conservador. A diferença existente está no fato de que o procedimento BLUP utiliza uma única herdabilidade para todas as estimativas, enquanto que o BLUP-HET utiliza uma herdabilidade individual para cada progênie. No local 1, o BLUP-HET apresentou estimativa maior que o BLUP de 13,6% para o DAP e de 16,5% para a altura. Nos demais locais, a diferença dos procedimentos variou entre 1,9% a 8,4%. A diferença no uso da herdabilidade por procedimento pode selecionar diferentes progênes. Porém, tanto para o DAP quanto para a altura, o número de progênes selecionadas pelos procedimentos BLUP e BLUP-HET variou entre 28 e 30 coincidências, ou seja, neste caso os dois procedimentos conduzem a resultados muito próximos ou iguais na seleção.

TABELA 19 - VALOR MÉDIO PREDITO, GANHO DE SELEÇÃO (GS) E GANHO DE SELEÇÃO EM PORCENTAGEM (GS%) PARA AS VARIÁVEIS DAP E ALTURA, POR LOCAL E PARA OS PROCEDIMENTOS BLUP E BLUP-HET, CONSIDERANDO UMA INTENSIDADE DE 20% DE SELEÇÃO ENTRE PROGÊNIES DE *Pinus taeda*

Local	Parâmetro	DAP		Altura	
		BLUP	BLUP-HET	BLUP	BLUP-HET
Local 1 – Sítio 2	Média Esperada	19,417	19,581	11,223	11,259
	GS	1,207	1,371	0,219	0,255
	GS%	6,629	7,528	1,989	2,317
Local 2 – Sítio 1	Média Esperada	21,973	22,084	12,017	12,050
	GS	2,334	2,445	0,675	0,708
	GS%	11,883	12,448	5,956	6,239
Local 3 – Sítio 3	Média Esperada	18,163	18,276	9,445	9,480
	GS	1,568	1,681	0,408	0,442
	GS%	9,447	10,127	4,516	4,896
Local 4 – Sítio 1	Média Esperada	21,322	21,393	12,794	12,820
	GS	3,014	3,085	1,390	1,416
	GS%	16,462	16,848	12,185	12,417
Local 5 – Sítio 2	Média Esperada	18,408	18,447	10,324	10,336
	GS	1,866	1,905	0,647	0,659
	GS%	11,280	11,514	6,682	6,809

FONTE: O AUTOR (2010)

As estimativas do ganho de seleção e da média esperada pelos critérios de produtividade e estabilidade (MHVG), produtividade e adaptabilidade (PRVG*MG) produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG*MG) e pelos valores genotípicos (u+g+gem) (Tabela 20), apresentaram ganhos esperados inferiores aos obtidos por local, exceto no caso da variável altura no local 1. Esta menor estimativa está associada a seleção das progênies que apresentam bons desempenhos em ambos os ambientes, mas não sendo, necessariamente, as melhores de cada ambiente. A interação reduz a correlação entre os valores genotípicos e fenotípicos, ocasionando também uma diminuição dos ganhos genéticos com a seleção (NUNES, 2000). Esta menor estimativa já era esperada, tendo em vista que o maior ganho é obtido nos casos de seleção direta para a característica de interesse e para o local específico. Os ganhos considerando estes critérios variaram entre 5,4% e 5,9% para o DAP e entre 2,7% e 3,5% para a altura. Devido a semelhança no ganho genético esperado, às correlações entre locais elevadas e aos genótipos selecionados pelos critérios que envolvem a produtividade, estabilidade e a adaptabilidade, um único programa de seleção pode ser conduzido.

TABELA 20 - VALOR MÉDIO PREDITO, GANHO DE SELEÇÃO (GS) E GANHO DE SELEÇÃO EM PORCENTAGEM (GS%) PARA AS VARIÁVEIS DAP E ALTURA, CONSIDERANDO UMA INTENSIDADE DE 20% DE SELEÇÃO ENTRE PROGÊNIES DE *Pinus taeda*, PELOS CRITÉRIOS DE PRODUTIVIDADE E ESTABILIDADE (MHVG), PRODUTIVIDADE E ADAPTABILIDADE (PRVG*MG), PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE (MHPRVG*MG) E PELOS VALORES GENOTÍPICOS (U+G+GEM)

Critério	Parâmetro	DAP	Altura
MHVG	Média Esperada	18,800	10,788
	GS	1,050	0,284
	GS%	5,913	2,708
PRVG*MG	Média Esperada	18,727	10,876
	GS	0,977	0,373
	GS%	5,504	3,548
MHPRVG*MG	Média Esperada	18,722	10,873
	GS	0,972	0,370
	GS%	5,473	3,520
u+g+gem	Média Esperada	18,732	10,877
	GS	0,981	0,374
	GS%	5,529	3,557

FONTE: O AUTOR (2010)

4. CONCLUSÕES

- As amplitudes das variâncias residuais e das herdabilidades foram elevadas, ocasionando heterogeneidade dos dados, devendo-se optar por selecionar as progênes através do procedimento BLUP-HET;
- Com base nas semelhanças obtidas para os componentes de variância, em conjunto com as altas correlações genéticas e semelhança das progênes selecionadas nos critérios de adaptabilidade, estabilidade e produtividade, pode-se concluir que a interação genótipos x ambientes foi de baixa magnitude;
- Com base nos resultados obtidos, uma única estratégia de seleção pode ser adotada, reunindo todos os materiais genéticos avaliados em todos os locais ou em apenas um local (sendo a seleção válida para todos os locais).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BLADA, I. Genetic variation in stone pine half-sib progenies. P. 85-95. In: McKinley, C.R. (Ed.), **Proc. 27th Southern Forest Tree Improvement Conference**, Stillwater, Oklahoma, USA. 222p. 2003.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. V.1, 3.ed., Viçosa: UFV, 2004. 480p.

DEMERRITT, M.E.Jr; GARRET, P.W. Adaptation of eastern white pine provenances to planting sites. **Research Paper NE-703**, USDA Forest Service, Northeastern Forest Experiment Station, Radnor, PA. 1996. 7p.

DUDA, L.L. **Seleção genética de árvores de *Pinus taeda* L. na região de Arapoti, Paraná**. Curitiba, 2003. 60 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal). Universidade Federal do Paraná.

FALKENHAGEN, E.R. Influences of testing sites on the genetic correlations in open-pollinated family trials of *Pinus elliottii* in South Africa. **Theoretical and Applied Genetics**. V. 77, n. 6, p. 873-880. 1989.

FOULLEY, J.L.; QUAAS, R.L. Heterogeneous variances in gaussian linear mixed models. **Genetics Selection Evolution**, v. 27, p. 211-228, 1995.

GARCIA, C.H. **Aplicação de equações de modelos mistos em testes clonais de *Eucalyptus* spp.** Piracicaba, 2004. 74 p. Dissertação (Mestrado), Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz.

GARCIA, C.H.; NOGUEIRA, M.C.S. Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto. **Scientia Forestalis**, n. 68, p. 107-112, ago. 2005.

HIGA, A.R.; SHIMIZU, J.Y. Produção de sementes melhoradas de essências florestais. **Revista Brasileira de Sementes**, vol. 03, n.º3, p. 19-25, 1981.

HODGE, G.R.; FERREIRA, A.R.; VEIGA, W.A. Age-age correlations in *Pinus taeda* in Brazil. In: **27th Southern Forest Tree Improvement Conference** at Oklahoma State University in Stillwater, 2003. p. 83-84.

IPEF. **Seleção massal e individual**. Piracicaba: IPEF. P. 1-14 (Circular Técnica, 21). 1977.

KAGEYAMA, P.Y. **Produção de sementes de eucaliptos**. IPEF, Circular Técnica 63, agosto 1979.

MAIA, M.C.C.; RESENDE, M.D.V.; PAIVA, J.R.; CAVALCANTI, J.J.V.; BARROS, L.M. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 39, n.1, p. 43-50, jan./mar. 2009. p. 43-50.

MARCELINO, S.D.R.; LEMMA, A.F. Métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados. **Scientia Agrícola**, v. 57, n. 4, p. 643-652, out./dez. 2000.

NUNES, G.H.S.; REZENDE, G.D.S.P.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. Implicações da interação genótipos x ambientes na seleção de clones de eucalipto. **Revista Cerne**, vol. 8, n. 1, Lavras, 2002. p. 49-58.

NUNES, G.H.S. **Interação genótipos x ambientes em eucalipto: implicações sobre a seleção e formas de atenuar seu efeito**. Lavras, 2000. 160 f. Tese (Doutorado) Universidade Federal de Lavras.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; SHIMOYAMA, V.R.S.; MORA, A.L. Seleção precoce para incremento simultâneo do crescimento e da qualidade da madeira em *Pinus taeda* L. **Boletim de Pesquisa Florestal**. Colombo. Embrapa Florestas, n. 46, p. 31-46, jan./jun. 2003.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; FERNANDES, J.S.C.; RESENDE, M.D.V. Avaliação e seleção precoce para crescimento de *Pinus taeda*. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v. 37, n.12, p. 1719-1726, dez. 2002.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; MORA, A.L.; MAESTRI, R. Interação de genótipos de *Pinus taeda* L. com locais no sul-sudeste do Brasil. **Revista Cerne**, v.7, n.1, p. 090-100, 2001.

RESENDE, M. D. V. de. **Selegen–Reml/Blup: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 361 p.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 561p.

RESENDE, M.D.V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 57p. (Embrapa Florestas. Documentos, 100).

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002a. 975p.

RESENDE, M.D.V. de. **Software SELEGEN - REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002b. (Embrapa Florestas. Documentos, 77). 67p.

RESENDE, M.D.V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101p. (Embrapa Florestas. Documentos, 47).

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropec. Trop.** 37(3): 182-194, set. 2007.

RESENDE, M.D.V.; PRATES, D.F.; YAMADA, C.K.; JESUS, A. Estimación de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, Embrapa, n. 32/33, p. 23-42, jan./dez. 1996.

RESENDE, M.D.V.; STURION, J. A. **Análise genética de dados com dependência espacial e temporal no melhoramento de plantas perenes via modelos geoestatísticos e de séries temporais empregando REML/BLUP ao nível individual.** Colombo: Embrapa Florestas, 2001. 79p. (Embrapa Florestas. Documentos, 65).

RÖNNEGARD, L.; FELLEKI, M.; FIKSE, F.; MULDER, H.A.; STRANDBERG, E. Genetic heterogeneity of residual variance – estimation of variance components using double hierarchical generalized linear models. **Genetics Selection Evolution**, v.42(1):8. 2010. 10p.

SCARPINATI, E.A. **Influência do modelo de análise estatística e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de *Eucalyptus* spp.** 58 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia - Genética e Melhoramento de Plantas). UNESP, Jaboticabal, 2007.

SCHULTZ, R. **Loblolly Pine: The ecology and culture of Loblolly Pine (*Pinus taeda* L.).** Agriculture Handbook. N. 713. Washington, D.C. 1997. 493p.

SUN, X. The adaptability and stability evaluation on introduced families of *Pinus taeda*. **Journal of Anhui Agricultural University**. 2004-03.

TAMBARUSSI, E.V.; SEBBENN, A.M.; MORAES, M.L.T.; ZIMBACK, L.; PALOMINO, E.C.; MORI, E.S. Estimative of genetic parameters in progeny test of *Pinus caribaea* Morelet var. *hondurensis* Barret & Golfari by quantitative traits and microsatellite markers. **Bragantia**, Campinas, v.69, n.1, p.39-47, 2010.

VENCOVSKI, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.