

REGRESSÃO GENO-FENOTÍPICA MULTIVARIADA E MAXIMIZAÇÃO DO PROGRESSO GENÉTICO EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO DE *Eucalyptus*

Marcos Deon Vilela de Resende^{*}
Antonio Rioyei Higa^{**}
Osmir José Lavoranti^{***}

RESUMO

O presente trabalho apresenta o desenvolvimento teórico e prático de um método de seleção que maximiza o progresso genético em programas de melhoramento florestal, através da utilização de todos os efeitos e variáveis associadas à avaliação de indivíduos, em testes de progênies. O método apresenta grande utilidade quando o objetivo da seleção é aumentar a produção de madeira quantificada através do volume ou peso. Quando o interesse é volume de madeira, a seleção é baseada nos caracteres de crescimento mensurados em todas as idades avaliadas. Quando o interesse é peso de madeira por área, as variáveis incluídas na seleção são os caracteres de crescimento e a densidade, em todas as idades avaliadas. Para aplicação do método, não há necessidade de conhecimento dos pesos econômicos dos caracteres. No presente trabalho, o método foi aplicado a um teste de progênies de *Eucalyptus grandis*, utilizando-se às variáveis altura, diâmetro e volume, aos 3 e 5 anos, visando a obtenção de ganho em volume, aos 5 anos. Constatou-se que o método conduziu a um ganho, em volume, 7,55% superior ao método normalmente utilizado (seleção combinada com base apenas em volume no 5º ano), em valor absoluto. Em termos relativos, o presente método mostrou-se 27,4% mais eficiente. O método apresenta aspectos interessantes para a seleção precoce, pois a seleção precoce no 3º ano, pelo presente método, visando ganho em volume no 5º ano, foi 18% mais eficiente que a seleção pelo método tradicional no próprio 5º ano. O método é prontamente aplicável e não acarreta custo adicional.

PALAVRAS-CHAVE: Maximização de ganho - vários caracteres, métodos de seleção, seleção precoce, repetibilidade, *Eucalyptus* - produtividade.

* Eng. Agrônomo, Mestre, CREA n°. 50602/D, Pesquisador da EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas.

** Eng. Florestal, Doutor, CREA n°. 52583/D, Pesquisador da EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas.

*** Assistente de Pesquisa EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas.

MULTIVARIATE GENO-PHENOTYPIC REGRESSION AND GENETIC GAIN MAXIMIZATION IN *Eucalyptus* BREEDING PROGRAMS

ABSTRACT

This paper presents the theoretical and practical development of a selection method that maximizes genetic gain in forest breeding programs, by utilization of all effects and traits from evaluations of progeny tests. The method is valuable when selection aims to obtain higher wood production quantified by volume or weight. When the objective is volume of wood, the selection is based on growth traits in all ages evaluated. When the interest is weight of wood, growth traits and density in all ages evaluated, are used. The knowledge of the economic weights of the traits are not necessary for the application of the method. In this paper, the method was applied to a progeny test of *Eucalyptus grandis*, using the traits height, diameter and volume at ages 3 and 5, aiming to obtain gain at 5. It was noted that the method furnished a superior gain of 7,55% in relation to the standard method (combined selection at age 5), that means an improvement of 27,4% in efficiency. Furthermore, the method is valuable to early selection because when applied at age 3, aiming gain at age 5, showed 18% more efficiency than selection by standard method applied at age 5. The method is readily applicable and does not imply additional costs.

KEY-WORDS: Gain maximization - several traits; selection methods; early selection; repeatability; *Eucalyptus* - productivity.

1. INTRODUÇÃO

A melhor estimativa do valor genético de um indivíduo candidato à seleção corresponde ao produto do valor fenotípico desse indivíduo pela regressão do genótipo sobre o fenótipo (FALCONER, 1960). Dentro desse conceito, enquadram-se todas as modalidades de seleção baseadas em índices, sejam índices univariados, que receberam atenção inicialmente de LUSH (1945; 1947) ou multivariados, descritos em LUSH & HAZEL (1943), HAZEL (1942) ou outros métodos de seleção não baseados em índices. No melhoramento de *Eucalyptus* no Brasil, estas duas modalidades de índice de seleção têm sido empregadas, conforme descrito por RESENDE et alii (1990) para o caso de índice multivariado e por RESENDE & HIGA (1991, 1993) e BUENO FILHO (1992), para o caso de índice univariado.

Embora ambas metodologias se encaixem na terminologia "índice de seleção", no caso univariado o método tem sido denominado, na literatura, de seleção combinada, e o multivariado, o qual necessita da atribuição de pesos econômicos aos diferentes caracteres, tem sido denominado índice de seleção propriamente dito. No caso genérico, índices de seleção são empregados vantajosamente no melhoramento, em função de considerarem um maior número de fontes de informação, permitindo maior acurácia na estimação dos valores genéticos verdadeiros dos indivíduos (HENDERSON, 1963).

No presente estudo, será considerada a situação em que se deseja aumentar a acurácia na seleção de indivíduos, através da utilização de informações referentes a vários caracteres, mas não se conhece o valor econômico relativo desses caracteres e o interesse da seleção reside no melhoramento de apenas um dos caracteres

incluídos no índice. Esta situação é particularmente importante no melhoramento de *Eucalyptus*, uma vez que, em geral, o objetivo da seleção é aumentar a expressão de um caráter (geralmente volume) através da utilização do mesmo e outros caracteres correlacionados positivamente com ele, tais como altura e diâmetro na mesma idade e altura, diâmetro e volume em outras idades mais precoces. Neste caso, não importa os resultados nesses caracteres auxiliares.

Nesta situação, o sistema matricial apresenta uma construção diferenciada daquela utilizada nos índices de seleção propriamente ditos e na seleção combinada, porém incluindo vários caracteres e sem a necessidade de atribuição de pesos econômicos. Assim sendo, a presente técnica será denominada regressão geno-fenotípica multivariada para diferenciá-la da seleção combinada e dos índices de seleção propriamente ditos, seguindo a denominação utilizada por GALLAIS (1989).

Assim sendo, o objetivo do presente trabalho é o desenvolvimento teórico do método regressão geno-fenotípica e a sua aplicação no melhoramento de *Eucalyptus*, visando a maximização do progresso genético em um caráter, através da utilização de todos os efeitos do modelo e de todos os caracteres disponíveis, correlacionados positivamente com o objetivo da seleção.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Sendo o índice $I_{lm} = b_{lm}E_{lm}$, onde b_{lm} é o peso dado ao efeito l do caráter m e E_{lm} é o efeito l associado ao caráter m , a determinação de b_{lm} deve ser realizada de forma que seja maximizada a correlação entre l e o valor genético verdadeiro do caráter sob seleção. Considerando cada efeito e os vários caracteres, essa maximização conduz ao seguinte sistema matricial (HENDERSON, 1963):

$Pb=G$, onde P é a matriz de covariâncias fenotípicas entre os caracteres a nível do efeito considerado, b é o vetor coluna dos coeficientes de ponderação dos caracteres referentes ao efeito considerado, e G é o vetor coluna de covariâncias entre o valor genético sendo predito e os valores dos diferentes caracteres, referentes ao efeito em consideração.

Considerando todos os caracteres e efeitos e o modelo matemático $Y_{ijk} = u + p_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk}$ (onde os efeitos correspondem à média geral, progênie, bloco, parcela e indivíduo dentro de parcela, respectivamente todos aleatórios com exceção da média), o sistema matricial torna-se mais complexo, podendo ser escrito como:

$$\begin{array}{c} \text{B} \\ \left[\begin{array}{c} [b_l] \\ [b_F] \\ [b_p] \\ [b_B] \end{array} \right] \end{array} = \begin{array}{c} \text{F}^{-1} \\ \left[\begin{array}{ccc} [P_l]^{-1} & & \\ & [P_F]^{-1} & \\ & & [P_p]^{-1} \\ & & & [P_B]^{-1} \end{array} \right] \end{array} \begin{array}{c} \text{A} \\ \left[\begin{array}{c} [G_l] \\ [G_F] \\ [G_p] \\ [G_B] \end{array} \right] \end{array} \text{, onde:}$$

$[P_l], [P_F], [P_p]$ e $[P_B]$ - matrizes de covariâncias fenotípicas entre os caracteres incluídos no índice, ao nível dos efeitos de indivíduos dentro de progênies no bloco,

de progênie, de parcelas e de blocos, respectivamente.

$[b_I]$, $[b_F]$, $[b_P]$ e $[b_B]$ - vetores-coluna dos coeficientes de ponderação para os vários caracteres, referentes aos efeitos de indivíduos dentro de progênies no bloco, de progênie, de parcela e de blocos, respectivamente.

$[G_I]$, $[G_F]$, $[G_P]$ e $[G_B]$ - vetores-coluna referentes às covariâncias entre os valores fenotípicos dos vários caracteres e o valor genético do caráter de interesse para a seleção, referentes aos efeitos de indivíduo dentro de progênies no bloco, de progênie, de parcela e de blocos, respectivamente.

Na composição do índice para ordenamento dos indivíduos, os pesos b são multiplicados pelos valores fenotípicos referentes aos vários caracteres e efeitos, de forma a ser obtido o valor genético (VG) de cada indivíduo, para o caráter de interesse. Nesse caso, o sistema matricial é:

$$VG = [[b_I]' [b_F]' [b_P]' [b_B]'] \begin{bmatrix} [E_I] \\ [E_F] \\ [E_P] \\ [E_B] \end{bmatrix}$$

onde:

- $[b_I]'$, $[b_F]'$, $[b_P]'$ e $[b_B]'$ - transpostas de $[b_I]$, $[b_F]$, $[b_P]$ e $[b_B]$, respectivamente.
- $[E_I]$, $[E_F]$, $[E_P]$ e $[E_B]$ - vetores-coluna dos valores fenotípicos referentes aos vários caracteres, para os efeitos de indivíduo dentro de progênie no bloco, de progênie, de parcela e de bloco, respectivamente, referentes a um determinado indivíduo.

Com base nas derivações de RESENDE (1991) e RESENDE & HIGA(1993), têm-se que as composições das matrizes são:

$$[G_I] = \frac{(n-1)}{n} (1-r) \sum A_{ov}$$

$$[G_F] = \frac{(p-1)}{p} \frac{(1+(nb-1)r)}{nb} \sum A_{ov}$$

$$[G_P] = \frac{(b-1)(p-1)(1-r)}{npb} \sum A_{ov}$$

$$[G_B] = \frac{(b-1)(1-r)}{npb} \sum A_{ov}$$

$$[P_F] = \frac{p-1}{p} \sum (\text{COV}_{pxz} + \text{COV}_{exz} / b + \text{COV}_{dxz} / nb)$$

$$[P_I] = \frac{n-1}{n} \sum (\text{COV}_{dxz})$$

$$[P_P] = \frac{(p-1)}{p} \frac{(b-1)}{b} \sum (\text{COV}_{exz} + \text{COV}_{dxz} / n)$$

$$[P_B] = \frac{(b-1)}{b} \sum (\text{COV}_{bxz} + \text{COV}_{exz} / p + \text{COV}_{dxz} / np)$$

Onde:

- n, p, b e r são os números de plantas por parcela, de progênies, de blocos e coeficiente da covariância genética aditiva entre os indivíduos no tipo de família considerada.
- COV_{pxz} , COV_{exz} , COV_{dxz} , COV_{bxz} , - Covariâncias entre as variáveis X e Z (pertencentes às V variáveis), a nível dos efeitos de progênie, parcela (erro experimental), indivíduo dentro de progênie e blocos, respectivamente.
- $\sum A_{ov}$: Matriz de covariância genética aditiva entre os caracteres O (objetivo de seleção) e V (objetivo da seleção e auxiliares na seleção).

Assim sendo, construindo e operando as matrizes, obtém-se os b's e conseqüentemente os índices para ordenamento dos indivíduos.

O progresso é determinado fazendo-se as médias dos índices referentes aos indivíduos selecionados, conforme descrito em RESENDE & HIGA (1993).

O progresso no caráter de interesse, com base no diferencial de seleção estandardizado (k) equivale a $G = K\sigma_1$, onde σ_1 é o desvio padrão fenotípico do índice. Neste caso, $\sigma_1^2 = B'FB$, seguindo o mesmo princípio descrito por HENDERSON (1963).

No presente caso, será estudada a aplicação do método proposto, utilizando-se os caracteres altura (H), diâmetro (D) e volume (V) de *E. grandis*, avaliados no 3^o e 5^o anos, com o objetivo de aumentar a produção volumétrica no 5^o ano. O índice de seleção, no presente caso toma a seguinte forma:

$$I = b_1(X_{ijk} - \bar{X}_{ij.})H_3 + b_2(X_{ijk} - \bar{X}_{ij.})DAP_3 + b_3(X_{ijk} - \bar{X}_{ij.})V_3 + b_4(X_{ijk} - \bar{X}_{ij.})H_5 + \\ + b_5(X_{ijk} - \bar{X}_{ij.})DAP_5 + b_6(X_{ijk} - \bar{X}_{ij.})V_5 + b_7(\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{...})H_3 + b_8(\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{...})DAP_3 + \\ + b_9(\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{...})V_3 + b_{10}(\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{...})H_5 + b_{11}(\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{...})DAP_5 + b_{12}(\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{...})V_5 + \dots$$

e assim sucessivamente para os demais efeitos, conforme definido em RESENDE & HIGA (1993). Assim, o índice será baseado em 24 informações.

No presente trabalho, foram utilizados dados de um experimento de *E. grandis* instalado no delineamento de blocos casualizados com 4 repetições, 6 plantas por parcela e 25 progênies de meios irmãos.

As repetibilidades (r) foram estimadas pelo método da análise de variância (BECKER, 1967), considerando avaliações repetidas (2 idades), a nível de indivíduo (repetibilidade a nível de indivíduo), e a nível de famílias (repetibilidade a nível de família). Os coeficientes de determinação genotípica (R^2) foram estimados pela expressão: $R^2 = nr/[1+(n-1)r]$, onde n é o número de medição (idades), conforme BRIGUET JUNIOR (1967).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

a) Maximização do progresso na idade adulta

O índice descrito pode ser aplicado vantajosamente no melhoramento florestal, por exemplo, em duas situações. Quando o objetivo da seleção é aumentar a produtividade volumétrica ou quando o objetivo é aumentar a produtividade em termos de peso de madeira. No primeiro caso, as variáveis a serem incluídas na seleção devem ser volume, altura e diâmetro proveniente de todas as idades (avaliações) disponíveis. No segundo caso, as variáveis a serem incluídas na seleção podem ser peso de madeira, volume, densidade, altura e diâmetro provenientes de todas as idades disponíveis. Neste último caso, o interesse é maximizar o ganho em peso de madeira, mas torna-se interessante quantificar também os ganhos nos caracteres volume (que também é importante) e na densidade da madeira, que, em alguns casos, deve ser mantida em um nível desejável pelas fábricas de papel e celulose. A maximização do ganho em peso da madeira provavelmente conduzirá a ganhos tanto em densidade quanto em volume, porém os ganhos em volume deverão ser de menor magnitude do que quando se seleciona para volume, em função das correlações genéticas nulas ou ligeiramente

negativas, (EMBRAPA, 1992) observadas entre densidade e os caracteres de crescimento, em *Eucalyptus*.

Na Tabela 1, são apresentados os resultados experimentais (análise de variância) referentes ao estudo em questão.

TABELA 1. Valores e significâncias dos quadrados médios referentes aos caracteres altura (H₃), DAP(D₃) e volume (V₃) aos 3 anos e os mesmos caracteres (H₅, D₅ e V₅) aos 5 anos, bem como coeficientes de variação experimental e médias.

F.V.	QM					
	H ₃	D ₃	V ₃	H ₅	D ₅	V ₅
Bloco	13,12	5,64	0,0063	1,66	1,43	0,0012
Progênes	8,13*	4,95*	0,0079*	4,18*	5,40*	0,0125*
Resíduo	5,01	2,56	0,0047	2,32	2,52	0,0062
C.V.	14,4	13,8	34,5	8,3	11,81	26,24
Média**	15,55	11,59	0,1973	18,36	13,45	0,2995

* significativos a níveis de significância $\leq 5\%$

** unidades: m para altura, cm para DAP e m³ para volume

Constata-se, pela Tabela 1, a presença (significância do teste F) de variabilidade genética para todos os caracteres, mesmo para volume aos 3 e 5 anos, que apresentou altos coeficientes de variação experimental.

Na Tabela 2, são apresentados os coeficientes de repetibilidade e determinação genotípica para famílias e indivíduos.

TABELA 2. Repetibilidades e determinações ao terceiro e quinto anos para os caracteres altura (H), diâmetro (D) e volume (V), referentes a indivíduos e famílias.

	Repetibilidade			Determinação (3 ^o ou 5 ^o ano)			Determinação (3 ^o e 5 ^o ano)		
	H	D	V	H	D	V	H	D	V
Indivíduo	0,46	0,57	0,53	0,46	0,57	0,53	0,63	0,72	0,69
Família	0,62	0,70	0,71	0,62	0,70	0,71	0,77	0,82	0,82

As repetibilidades representam as correlações entre as duas medições (3^o e 5^o anos) a nível de média de família e de indivíduos. Essas correlações assumiram magnitudes intermediárias (0,46 a 0,57) a nível de indivíduos e mais altas (0,62 a 0,70) para famílias. Isto significa que, considerando as duas idades como igualmente importantes, as inferências a respeito do valor genotípico de famílias e indivíduos usando apenas uma das duas idades apresentam determinações equivalentes aos valores de repetibilidade citados. Por outro lado, inferências baseadas na média das duas idades apresentam determinação variando de 63% a 72% e 77% a 82%, para indivíduos e famílias, respectivamente (Tabela 2). Assim, a eficiência da seleção baseada na média de duas idades é, em média, 25,5% superior

à baseada em apenas uma idade (Tabela 3). Estes resultados indicam que ganhos em precisão podem ser obtidos quando são utilizados dados de mais de uma idade, na seleção.

TABELA 3. Eficiência da seleção considerando duas medições (idades), em relação a apenas uma.

	H	D	V	Média
Indivíduo	1,37	1,26	1,30	1,31
Família	1,24	1,17	1,19	1,20
Média	1,305	1,215	1,245	1,255

Na Tabela 4, são apresentadas as correlações fenotípicas entre os vários caracteres considerados na seleção e o caráter de interesse, volume aos 5 anos.

TABELA 4. Correlações fenotípicas a nível de médias de famílias entre os seis caracteres incluídos na seleção e o caráter-objetivo da seleção (volume aos 5 anos).

Caracteres	Correlações
Altura - 3 anos	0,71
DAP - 3 anos	0,69
Volume - 3 anos	0,71
Altura - 5 anos	0,87
DAP - 5 anos	0,97
Volume - 5 anos	1,00

Observa-se, pela Tabela 4, altas correlações entre os vários caracteres e o objetivo da seleção, fato este que corrobora a importância de se considerar esses diferentes caracteres e idades na seleção, para volume ao 5º ano. Fica claro também que as duas idades não são igualmente importantes, ou seja, a avaliação do 5º ano deve contribuir com maior peso na seleção. Assim sendo, para selecionar com precisão determinado genótipo, o parâmetro repetibilidade não é adequado para avaliar o número de medições necessárias, visto que o caráter objetivo da seleção se expressa em uma idade adulta, pré-determinada, que é a idade de rotação. Dessa forma, as correlações entre duas avaliações quaisquer (duas idades) são esperadas serem diferentes, em função de cada idade a ser correlacionada com a idade adulta. Evidências desse fato são apresentadas por KAGEYAMA (1983),

Na Tabela 5, são apresentadas as herdabilidades referentes a cada efeito do modelo matemático, para os seis caracteres em questão. Foram empregados os estimadores apresentados por RESENDE & HIGA (1993).

TABELA 5. Herdabilidades em porcentagem, referentes aos efeitos de progênie, indivíduo dentro de parcela, parcela e bloco, bem como herdabilidade individual (para seleção de indivíduos dentro do bloco), para os caracteres, volume aos 5 anos (V₅) e aos 3 anos (V₃), DAP aos 5 anos (D₅) e aos 3 anos (D₃) e altura aos 5 anos (H₅) e aos 3 anos (H₃).

Caracteres	Progênie	Indivíduo dentro da parcela	Parcela	Bloco*	Individ'
V3	49,12	15,65	14,33	10,56	19,2
D3	57,98	18,51	19,33	8,77	23,2
H3	46,01	15,32	12,86	4,91	18,14
V5	60,90	14,55	21,07	-	20,27
D5	63,95	15,23	23,60	-	21,38
H5	53,25	14,23	16,50	-	18,85
Média	55,20	15,58	17,95	8,08	20,19

* Herdabilidades referentes aos efeitos de bloco para variáveis do 5^o ano não foram estimadas, uma vez que os valores de F para blocos assumiram valores menores que um, o que não é normalmente esperado.

Constata-se, pela Tabela 5, que as herdabilidades a nível de indivíduo apresentaram valores bastante coerentes com os citados em literatura (em torno de 20,0%), para caracteres de crescimento (MORAES, 1987). As herdabilidades dos efeitos de família apresentaram as maiores magnitudes, seguidos daqueles referentes aos efeitos de indivíduo dentro de parcela e de parcela, os quais apresentaram magnitudes semelhantes. Por outro lado, as herdabilidades referentes aos efeitos de blocos apresentaram as mais baixas magnitudes. Esses resultados já eram esperados, concordando com os resultados de simulação obtidos por RESENDE & HIGA (1993), Como n' (média harmônica dos números de plantas vivas por parcela) equivaleu a 3,626, as herdabilidades dos efeitos de parcela assumiram valores próximos aos das herdabilidades de indivíduos dentro de parcela, fato este esperado quando n' assume baixos valores (RESENDE & HIGA, 1993). Assim, com n' baixo, torna-se importantíssimo incluir os efeitos de parcela na seleção.

Os efeitos referentes a blocos não foram incluídos na seleção, quando os índices incluíram as variáveis referentes ao quinto ano, devido às imprecisões em suas estimativas.

Na Tabela 6, são apresentados os progressos genéticos em volume aos 5 anos, através de seleção combinada baseada apenas em volume ao 5^o ano, e através de seleção empregando-se o novo método proposto.

TABELA 6. Progressos genéticos* em volume aos 5 anos, através de seleção baseada apenas em volume aos 5 anos e em todas as variáveis e efeitos propostos no novo método, bem como contribuição de cada efeito no ganho total com o novo método.

Situações**	Progressos Genéticos	Progresso em porcentagem da média	Eficiência em relação ao método padrão (a)
a.	0,0827	27,61%	100%
b.	0,0785	26,21%	95,0%
c.	0,0979	32,69%	118,4%
d.	0,1053	35,16%	127,4%
<u>Contribuição de cada efeito no ganho total de 35,16%</u>			
		Em Valores Absolutos	Em porcentagem do Total
E ₁		26,21%	74,54%
E ₂		6,48%	18,43%
E ₃		2,47%	7,03%

* Intensidade de seleção de 5% dos indivíduos - $K=2,063$

** a. Seleção baseada apenas na variável volume ao 5 anos nos efeitos de família e indivíduos dentro de parcela (seleção combinada - método padrão)

b. Seleção baseada nas seis variáveis (altura, DAP e volume ao 3º ano e 5º ano) e apenas no efeito de família.

c. Seleção baseada nas seis variáveis e nos efeitos de família e indivíduo dentro de parcela.

d. Seleção baseada nas seis variáveis e nos efeitos de família, indivíduo dentro de parcela e de parcela.

E₁. Contribuição do efeito de família para o ganho total (considerando os seis caracteres)

E₂. Contribuição do efeito de indivíduo dentro de parcela para o ganho total (considerando os seis caracteres)

E₃. Contribuição do efeito de parcelas para o ganho total (considerando os seis caracteres)

Constata-se, pela Tabela 6, o grande benefício do emprego do novo método em relação ao método padrão que é a seleção combinada. O novo método propiciou um progresso genético em volume de 35,16% contra 27,61% do método padrão, significando uma produção de 7,55% de madeira a mais por unidade de área. Em termos de eficiência relativa, o método mostrou-se 27,4% mais eficiente que o método padrão.

Quanto à contribuição de cada efeito para o progresso total, verificou-se que o efeito de família contribuiu com 26,21%, o de indivíduo dentro de parcela com 6,48% e o de parcela com 2,47%, em valores absolutos, equivalendo a 74,54%, 18,43% e 7,03% em porcentagem do total (35,16%), respectivamente. Embora com herdabilidades similares (Tabela 5), os efeitos de indivíduo dentro de parcela contribuem mais para o progresso genético que o efeito de parcela, uma vez que o progresso é dependente também dos desvios padrões fenotípicos, o quais mostraram-se bastante inferiores para os efeitos de parcela, em relação aos efeitos de indivíduo dentro de parcela. Os resultados reforçaram a importância de se incluir os efeitos de parcela na seleção. No caso univariado, a vantagem de incluir os efeitos de parcela na seleção é menor (RESENDE & HIGA, 1993). Entretanto, quando se trabalha com vários caracteres, como no presente caso, a inclusão destes efeitos mostrou-se imprescindível. Resultados similares referentes às contribuições dos diferentes efeitos foram obtidos na regressão geno-fenotípica aplicada aos dados de 3 anos (Tabela 7).

É importante relatar que dos 7,55 pontos percentuais adicionais devido ao novo método, 2,47 (32,72%) deve-se à inclusão do efeito de parcelas e 5,08 (67,28%) deve-se à utilização dos caracteres auxiliares na seleção para volume aos 5 anos. Assim sendo, a superioridade do método deve-se ao somatório de pequenos ganhos advindos da inclusão de cada caráter auxiliar e do efeito de parcela.

Quanto aos efeitos de bloco, os mesmos não foram incluídos devido às estimativas negativas dos componentes de variância referentes à variação entre blocos, das variáveis do 5º ano. Entretanto, a inclusão dos efeitos de bloco, no presente caso, realmente não contribuiria muito para o progresso com seleção, conforme pode ser verificado na Tabela 7. RESENDE & HIGA (1993) indicam que os efeitos de bloco somente contribuirão para o progresso genético em um único caráter, em situações de número de plantas por parcela menor ou igual a 3 e número de progênies avaliados menor ou igual a 10 (ou outras combinações desses números, menores ou iguais a 30).

No presente estudo, com os três caracteres do 3º ano a contribuição do efeito de blocos para o progresso total foi de apenas 0,1% em relação à média da população não melhorada (Tabela 7).

Em função dos resultados obtidos, encontra-se em desenvolvimento, na EMBRAPA/CNPFFlorestas um programa destinado ao ordenamento dos indivíduos candidatos à seleção bem como ao cálculo de progressos genéticos, com base no método proposto.

É importante mencionar que para aplicação do método, deve-se dispor de precisas estimativas de variâncias e covariâncias. Assim sendo, as matrizes de variância-covariância fenotípicas devem ser positiva-definidas, ou seja, devem apresentar todos os autovalores positivos. Dessa forma, após a construção das matrizes, é recomendável calcular e inspecionar os autovalores antes do emprego dos mesmos em índices de seleção (HAYES & HILL, 1980).

b) Aplicação na seleção precoce

O método proposto pode ser aplicado, visando aumentar a eficiência da seleção precoce para ganhos na idade adulta.

Na Tabela 7, são apresentados os progressos genéticos aos 5 anos, com seleção baseada nos três caracteres ao 3º ano e nos quatro efeitos do modelo.

TABELA 7. Progressos genéticos em volume aos 5 anos, através de seleção baseada em altura, diâmetro e volume aos 3 anos e nos quatro efeitos do modelo.

Situações	Progressos Genéticos	Progresso em porcentagem da média	Eficiência em relação à regressão geno-fenotípica multivariada (índice completo)
a.	0,1053	35,16%	100%
b.	0,0738	24,64%	70,08%
c.	0,0937	31,28%	89,96%
d.	0,0974	32,50%	92,43%
e.	0,09764	32,60%	92,72%

Contribuição de cada efeito no ganho total de 32,60%

	Em Valores Absolutos	Em porcentagem do Total
E ₁	26,64%	75,58%
E ₂	6,64%	20,37%
E ₃	1,22%	3,74%
E ₄	0,1%	0,31%

- a. Seleção baseada nas seis variáveis (3^o e 5^o anos) e nos efeitos de família, indivíduo dentro de parcela e parcela.
- b. Seleção baseada nas três variáveis (altura, diâmetro e volume aos 3 anos) e apenas no efeito de família.
- c. Seleção baseada nas três variáveis (3^o ano) e nos efeitos de família e indivíduo dentro de parcela.
- d. Seleção baseada nas três variáveis (3^o ano) e nos efeitos de família, indivíduo dentro de parcela e de parcela.
- e. Seleção baseada nas três variáveis (3^o ano) e nos efeitos de família, indivíduo dentro de parcelas, de parcela e de blocos.
- E₁, E₂, E₃ e E₄. Contribuição dos efeitos de família, indivíduo dentro de parcelas, de parcela e de blocos, respectivamente, para o ganho total (considerando os três caracteres).

Verifica-se, pela Tabela 7, que a seleção com base na regressão geno-fenotípica aos 3 anos conduziu a um progresso genético de 32,60% contra os 35,16% obtidos na seleção incluindo também as variáveis do 5^o ano. Assim sendo, a eficiência (em termos de ganho por ciclo seletivo) da seleção precoce aos 3 anos, em relação à seleção ao 5^o ano, foi de 92,72%, portanto bastante alta.

Entretanto, é importante ressaltar que a seleção aos 3 anos propicia um menor intervalo entre gerações, de forma que a comparação adequada deve basear-se no progresso genético médio por unidade de tempo. Atualmente, o tempo mais curto decorrido entre a seleção e o plantio da nova geração, para *Eucalyptus* em geral é de 4 anos. Assim, para se ter o intervalo de gerações, deve-se somar 4 à idade da seleção.

Considerando a seleção aos 3 anos, o progresso médio anual é 4,66%, contra 3,91% para a seleção aos 5 anos, ou seja, a seleção precoce aos 3 anos é 19% mais eficiente que a seleção aos 5 anos. Esses resultados indicam que a seleção precoce

ao 3º ano deve ser praticada no melhoramento de *Eucalyptus*, concordando com a idade de seleção que já vem sendo adotada no melhoramento desse gênero em Portugal, propiciando o maior ganho por unidade de tempo.

É importante ressaltar, também, que métodos mais elaborados devem ser aplicados na seleção precoce, de forma a se poder suprir, em parte, a perda de informação da idade mais adulta. Neste contexto, a regressão geno-fenotípica aplicada no presente estudo mostrou ser extremamente vantajosa, pois aplicada no 3º ano apresentou um progresso genético aos 5 anos de 32,60% (Tabela 7), contra 27,61% (Tabela 6) obtido pelo método tradicional (seleção combinada) aplicado diretamente sobre os dados do 5º ano. Isto significa que o processo de seleção mais elaborado aplicado aos 3 anos foi 18% mais eficiente que a seleção no próprio 5º ano, porém usando um método menos elaborado.

KAGEYAMA (1983) também trabalhando com *E. grandis* verificou altas correlações genéticas entre as idades de 2 e 5 anos, e baixas entre as idades de 1 e 5 anos, indicando que a seleção poderia ser realizada eficientemente aos 2 anos. Assim sendo, sugere-se que seja melhor estudada a possibilidade de seleção precoce aos 2 anos de idade, utilizando também os dados de 1º ano. A aplicação da regressão geno-fenotípica aos dados de 1º e 2º ano, à semelhança do que foi aplicado no presente estudo para dados do 3º e 5º, poderá propiciar ganhos bastante próximos aos obtidos com a seleção com base apenas nos dados de 3º anos, de forma que a seleção aos 2 anos possa ser empregada vantajosamente.

4. CONCLUSÕES

- O índice de seleção desenvolvido otimiza o uso de todas as informações disponíveis dos experimentos florestais, tais como a avaliação de vários caracteres em várias idades.
- O método da regressão geno-fenotípica proposto mostrou ser 27,4% mais eficiente que o método padrão (seleção combinada).
- O método, por ser mais elaborado, torna-se também muito útil à seleção precoce. Aplicado na seleção precoce ao 3º. ano, visando ganho em volume aos 5 anos, o mesmo revelou-se 18% mais eficiente que a seleção pelo método tradicional, no próprio 5º. ano.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BECKER, W.A. **Manual of quantitative genetics**. Pullman: Washington State Univ. Press, 1967. 170p.

BRIQUET JUNIOR, R. **Melhoramento genético animal**. São Paulo: Melhoramentos/USP, 1967. 269p.

BUENO FILHO, J.S.S. **Seleção combinada versus seleção sequencial no melhoramento de populações florestais**. Piracicaba: ESALQ, 1992.96p.

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Florestas, Colombo, PR. **Relatório de cooperação técnica em melhoramento de *Eucalyptus*** - Convênio EMBRAPA-CNPF/CENIBRA, 1992. Não publicado.

- FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. New York: The Ronald Press Co., 1964. 365p.
- GALLAIS, A. **Theorie de la selection en amelioration des plantes**. Paris: Masson, 1989. 588p.
- HAYES, J.F.; HILL, W.G. A reparameterization of a genetic selection index to locate its sampling properties. **Biometrics**, v.36, p.237-248, 1980.
- HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v.28, p.476-490, 1943.
- HAZEL, L.N.; LUSH, J.L. The efficiency of three methods of selection. **Heredity**, v.33, p. 393-399, 1942.
- HENDERSON, C.R. Selection index and expected genetic advance. In: HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: NAS-NRC, 1963. p. 141-163. (NAS-NRC.Pub., 982).
- KAGEYAMA, P.Y. **Seleção precoce a diferentes idades em progênies de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. Piracicaba: ESALQ, 1983. 147p. Tese Livre-Docência.
- LUSH, J.L. **Animal breeding plans**. Ames: Iowa State College Press, 1945. 443p.
- LUSH, J.L. Family merit and individual merit as bases for selection. **American Naturalist**, v.81, p.241-261, p.362-379, 1947.
- MORAES, M.L.T. **Variação genética da densidade básica da madeira em progênies de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden e suas relações com as características de crescimento**. Piracicaba: ESALQ, 1987. 115p. Tese Mestrado.
- RESENDE, M.D.V. de. Correções nas expressões do progresso genético com seleção em função da amostragem finita dentro de famílias e populações e implicações no melhoramento florestal. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v.22/23, p.61-77, 1991.
- RESENDE, M.D.V. de; OLIVEIRA, E.B. de; HIGA, A.R. Utilização de índices de seleção no melhoramento de *Eucalyptus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v.21 p.1-13, 1990.
- RESENDE, M.D.V. de; HIGA, A.R. Estimativa de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, 1991. No prelo.
- RESENDE, M.D.V. de; HIGA, A.R. Maximização da eficiência da relação em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. **Boletim de Pesquisa Florestal**, 1993. No prelo.