

Correlação intraclasse entre valores genéticos e implicações na comparação de métodos de seleção

MARCOS DEON VILELA DE RESENDE*

RESUMO

No presente trabalho foram derivados estimadores para coeficientes de correlação intraclasse entre valores genéticos preditos, os quais reduzem os diferenciais de seleção padronizados. Foram considerados os modelos matemáticos associados ao delineamento de blocos casualizados com uma e várias plantas por parcela. Os resultados permitiram as seguintes conclusões: para a seleção massal não são necessárias correções nos diferenciais de seleção padronizados; essas correções são necessárias para os métodos de seleção combinada e índice multi-efeitos para caracteres com herdabilidades inferiores a 20%; fixando-se a herdabilidade do caráter, o diferencial de seleção padronizado corrigido pouco varia em função do número f de famílias avaliadas, quando $f \geq 20$; o método índice multi-efeitos tende a ser superior à seleção combinada, em termos de diferencial de seleção.

Palavras-chave: diferencial de seleção, amostragem finita, modelos lineares, esperança matemática, seleção

ABSTRACT

Intraclass correlation of breeding values and effects on selection methods comparison. In this paper, estimators for intraclass coefficients of predicted breeding values, were derived. These coefficients decrease the standardized selection differentials. Mathematical models associated to randomized complete block design with one and several plants per plot, were applied. The conclusions were: for mass selection, corrections on standardized selection differentials are not necessary; these corrections are necessary for combined and multi-effects index selection methods, for traits with heritabilities below 20%; at the same level of heritability, the corrected standardized selection differential is almost independent of the number f of families tested, when $f \geq 20$; the multi-effects selection method is superior to combined selection, in terms of selection differential.

Key words: selection differentials, finite sampling, linear models, mathematical expectation, selection

INTRODUÇÃO

O ganho genético com seleção é função do produto: diferencial de seleção padronizado \times acurácia associada ao método de seleção \times desvio padrão genético aditivo associado ao caráter na população (FALCONER, 1989). Assim, para comparação entre métodos de seleção tem sido empregado o parâmetro acurácia, sendo considerados constantes para os diferentes métodos, o diferencial de seleção padronizado e o desvio padrão genético (RESENDE & HIGA, 1994a; RESENDE, 1994).

* Engenheiro agrônomo, M.Sc., Pesquisador da EMBRAPA/CNPFLorestras

Entretanto, conforme salientado por HILL (1976), RAWLINGS (1976) e WRICKE & WEBER (1986), existem correlações entre valores genéticos preditos, as quais reduzem os valores dos diferenciais de seleção obtidos com base na distribuição normal padronizada. Dessa forma, os diferenciais de seleção padronizados são diferentes para os diferentes métodos de seleção, mesmo quando são selecionados iguais números de indivíduos de uma população com tamanho constante.

A comparação entre métodos de seleção com base na expressão do ganho, deve basear-se então simultaneamente no diferencial de seleção padronizado e acurácias associadas a cada método. Embora o tema tenha sido estudado pelos autores mencionados, os mesmos não apresentaram os estimadores para a correlação entre valores genéticos estimados a partir de um delineamento experimental.

Em função do exposto, o presente trabalho tem por objetivo derivar estimadores para o coeficiente de correlação intraclasses entre valores genéticos preditos por diferentes métodos de seleção aplicáveis à espécies alógamas, bem como apresentar estimadores para o diferencial de seleção padronizado associado aos diferentes métodos.

MATERIAL E MÉTODOS

Considerou-se a situação em que os valores genéticos são estimados a partir do delineamento experimental de blocos casualizados com uma ou várias plantas por parcela. Nos modelos matemáticos empregados, todos os efeitos, com exceção da média geral, foram considerados como aleatórios.

Para obtenção do diferencial de seleção padronizado, considerou-se a teoria da seleção em populações finitas (HILL, 1969; BURROWS, 1972). Dessa forma, o diferencial de seleção padronizado adequado a populações finitas (K) pode ser obtido a partir do diferencial adequado à população de tamanho infinito (K_{∞}), conforme BURROWS (1972):

$$K = K_{\infty} - (1 - p) / [2 K_{\infty} p (N + 1)], \text{ onde:}$$

p - proporção selecionada;

N - tamanho da população.

Esta expressão pode ser expandida visando acomodar a correlação intraclasses (t) existente entre os valores genéticos preditos, conforme HILL (1976):

$$K = K_{\infty} - (1 - p) / \{2K_{\infty}p[N(t - t) - ft + 1]\} \quad (1)$$

onde f é o número de famílias em avaliação. Esta expressão é baseada no número "efetivo" de indivíduos selecionados.

A expressão (1) pode ser modificada para atender às seguintes modalidades de seleção:

(a) Seleção de famílias, irmãos, parentais ($t = 1$)

$$K = K_{\infty} - (1-p) / [2K_{\infty}p(f+1)] \quad (2)$$

desde que as famílias em avaliação sejam não aparentadas.

(b) Seleção dentro de famílias ($f=1$)

$$K = K_{\infty} - (1-p) / \{2K_{\infty}p[nb(t-1) + t + 1]\} \quad (3)$$

onde n é o número de plantas por parcela e b é o número de blocos.

(c) Seleção massal no bloco, massal no experimento, combinada, índice multi-efeitos no bloco, índice multi-efeitos no experimento.

$$K = K_{\infty} - (1-p) / \{2K_{\infty}p[nfb(t-1) + ft + 1]\} \quad (4)$$

(d) Modalidades de seleção em que existem dois coeficientes de correlação intraclasse (associados a indivíduos de uma mesma família em uma mesma parcela e em diferentes parcelas): seleção dentro de famílias, seleção massal no experimento, seleção combinada, índice multi-efeitos no experimento. Estas modalidades de seleção ocorrem na situação do delineamento de blocos casualizados com várias plantas por parcela. Neste caso, a expressão (4) foi modificada para:

$$K = K_{\infty} - (1-p) / \{2K_{\infty}p[nfb(t_2 - t_1) + nf(t_2 - t_1) + ft_1 + 1]\} \quad (5)$$

Esta expressão aproximada foi obtida com base nos trabalhos de WEBER (1982) e RESENDE & HIGA (1994b). RESENDE & HIGA (1994b) consideram estes dois coeficientes de correlação intraclasse: associado a índices relativos a indivíduos que estão em diferentes blocos (t_2) e associado a índices relativos a indivíduos que estão no mesmo bloco (t_1).

É interessante notar que com $n=1$ planta por parcela, a expressão (5) é função apenas de t_2 e, portanto, torna-se similar à (1). Com $t_1=t_2$, a expressão (5) torna-se similar à (4).

Os estimadores para os coeficientes de correlação intraclasse associados aos diferentes métodos de seleção foram derivados empregando-se propriedades de esperança matemática associada a variáveis aleatórias. Por exemplo, para o método índice multi-efeitos no experimento, o coeficiente de correlação intraclasse associado a índices de indivíduos de uma mesma família, em diferentes blocos equivale a:

$$t_2 = \frac{\sigma(I_{ijk}, I_{ij'k'})}{\sigma_{I_{ijk}} \sigma_{I_{ij'k'}}} = \frac{\sigma(I_{ijk}, I_{ij'k'})}{\sigma_{I_{ijk}}^2}, \text{ onde:}$$

$\sigma(I_{ijk}, I_{ij'k'})$ - covariância entre os índices I_{ijk} e $I_{ij'k'}$

$\sigma_{I_{ijk}}^2$ - variância do índice I_{ijk}

$$\sigma(I_{ijk} - I_{ij'k'}) =$$

$$= E\left\{ \left[b_1(X_{ijk} - \bar{X}_{ij}) + b_2(\bar{X}_{i..} - \bar{X}_{...}) + b_3(\bar{X}_{ij.} - \bar{X}_{i..} - \bar{X}_{.j} + \bar{X}_{...}) + b_4(\bar{X}_{.j.} - \bar{X}_{...}) \right] \cdot \left[b_1(X_{ij'k'} - \bar{X}_{ij'}) + b_2(\bar{X}_{i..} - \bar{X}_{...}) + b_3(\bar{X}_{ij'.} - \bar{X}_{i..} - \bar{X}_{.j'} + \bar{X}_{...}) + b_4(\bar{X}_{.j'.} - \bar{X}_{...}) \right] \right\}$$

$$\sigma^2(I_{ijk}) = E\left[b_1(X_{ijk} - \bar{X}_{ij}) + b_2(\bar{X}_{i..} - \bar{X}_{...}) + b_3(\bar{X}_{ij.} - \bar{X}_{i..} - \bar{X}_{.j} + \bar{X}_{...}) + b_4(\bar{X}_{.j.} - \bar{X}_{...}) \right]^2$$

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas Tabelas 1 e 2 são apresentados os estimadores para os coeficientes de correlação intraclasse, associados ao delineamento de blocos casualizados com várias e com uma planta por parcela, respectivamente.

Constata-se pela Tabela 1, que o coeficiente de correlação intraclasse para a seleção dentro de progênieis é negativo quando referente a indivíduos de uma mesma parcela e zero (significando independência entre os desvios) quando referente a indivíduos de diferentes parcelas. Este fato implica diferentes intensidades de seleção em função da comparação dentro ou entre parcelas.

Na seleção de indivíduos superiores em testes de progênieis, geralmente tem sido comparados os métodos seleção massal no experimento, seleção combinada no experimento e índice multi-efeitos no experimento (RESENDE & BERTOLUCCI, 1995; RESENDE *et al.*, 1995). Estes métodos são prontamente comparáveis, pois permitem a seleção de um mesmo número de indivíduos de uma população com tamanho constante.

Sendo a expressão do ganho genético (G) equivalente a $G = Kr_{IA} \sigma_A$ (K= diferencial de seleção padronizado, r_{IA} = acurácia, σ_A = desvio padrão genético aditivo), a comparação entre os métodos poderia ser realizada através da acurácia, se os métodos permitissem de fato, o mesmo diferencial de seleção padronizado.

A partir do presente trabalho e do trabalho de RESENDE & BERTOLUCCI (1995), torna-se claro que a melhor expressão para o ganho genético equivale a:

$$G = K_{\infty} - (1-p) / \{2K_{\infty}p[nfb(1-t_2) + nf(t_2-t_1) + ft_1 + 1]\}_{IA} \sigma_A (1-1/2N_e) \quad (6)$$

onde N_e é o tamanho efetivo populacional associado ao método de seleção.

Tabela 1 - Estimadores dos coeficientes de correlação intraclass associados a vários métodos de seleção e ao delineamento experimental de blocos casualizados com várias plantas por parcela

Table 1 - Estimators for the intraclass correlation coefficients associated to several selection methods and to a randomized complete block design with several plants per plot

método <i>method</i>	índice <i>index</i>	correlação intraclass <i>intraclass correlation</i>
1 seleção dentro de progênies/ <i>selection within progenies</i>	$I = b_1(X_{ijk} - \bar{X}_{ij})$	
1.1 indivíduos na mesma parcela <i>plants in the same plot</i>		$t_1 = \frac{-b_1^2 \sigma_d^2 / n}{b_1^2 \frac{n-1}{n} \sigma_d^2} = \frac{-1}{n-1}$
1.2 indivíduos em diferentes parcelas <i>plants in different plots</i>		$t_1 = 0$
2 seleção combinada <i>combined selection</i>	$I = b_1(X_{ijk} - \bar{X}_{ij}) + b_2(\bar{X}_{i..} - \bar{X}_{...})$	
2.1 indivíduos na mesma parcela <i>plants in the same plot</i>		$t_1 = \frac{-b_1^2 \frac{\sigma_d^2}{n} + b_2^2 \frac{f-1}{f} \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_e^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nb} \right)}{b_1^2 \frac{n-1}{n} \sigma_d^2 + b_2^2 \frac{f-1}{f} \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_e^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nb} \right)}$
2.2 indivíduos em diferentes parcelas/ <i>plants in different plots</i>		$t_2 = \frac{b_2^2 \frac{f-1}{f} \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_e^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nb} \right)}{b_2^2 \frac{n-1}{n} \sigma_d^2 + b_2^2 \frac{f-1}{f} \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_e^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nb} \right)}$

3 índice
multi-efeitos no
experimento
index multi-effects

$$I = b_1(X_{ijk} - \bar{X}_{ij}) + b_2(\bar{X}_{i..} - \bar{X}...) + b_3(\bar{X}_{ij.} - \bar{X}_{i..} - \bar{X}_{.j.} + \bar{X}...) + b_4(\bar{X}_{.j.} - \bar{X}...)$$

3.1 indivíduos na
mesma parcela
*plants in the
same plot*

$$t_1 = \frac{-b_1^2 \frac{\sigma_d^2}{n} + b_2^2 \frac{f-1}{f} \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_c^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nb} \right) + b_3^2 \frac{f-1}{f} \frac{b-1}{b} \left(\sigma_e^2 + \frac{\sigma_d^2}{n} \right) + b_4^2 \frac{b-1}{b} \left(\sigma_b^2 + \frac{\sigma_c^2}{f} + \frac{\sigma_d^2}{nf} \right)}{b_1^2 \frac{n-1}{n} \sigma_d^2 + b_2^2 \frac{f-1}{f} \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_c^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nb} \right) + b_3^2 \frac{f-1}{f} \frac{b-1}{b} \left(\sigma_e^2 + \frac{\sigma_d^2}{n} \right) + b_4^2 \frac{b-1}{b} \left(\sigma_b^2 + \frac{\sigma_c^2}{f} + \frac{\sigma_d^2}{nf} \right)}$$

3.2 indivíduos
em diferentes
parcelas/plants in
different plots

$$t_2 = \frac{b_2^2 \frac{\sigma_d^2}{n} \frac{f-1}{f} \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_c^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nb} \right) - b_3^2 \frac{f-1}{f} \left(\frac{\sigma_c^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nb} \right) - b_4^2 \left(\frac{\sigma_f^2}{f} + \frac{\sigma_b^2}{b} + \frac{\sigma_c^2}{fb} + \frac{\sigma_d^2}{nfb} \right)}{b_1^2 \frac{n-1}{n} \sigma_d^2 + b_2^2 \frac{f-1}{f} \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_c^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nb} \right) + b_3^2 \frac{f-1}{f} \frac{b-1}{b} \left(\sigma_e^2 + \frac{\sigma_d^2}{n} \right) + b_4^2 \frac{b-1}{b} \left(\sigma_b^2 + \frac{\sigma_c^2}{f} + \frac{\sigma_d^2}{nf} \right)}$$

4 índice multi-
efeitos no bloco
*index block
multi-effects*

$$I = b_1(X_{ijk} - \bar{X}_{ij}) + b_2(\bar{X}_{i..} - \bar{X}...) + b_3(\bar{X}_{ij.} - \bar{X}_{i..} - \bar{X}_{.j.} + \bar{X}...) - b_1^2 \frac{\sigma_d^2}{n} + b_2^2 \frac{f-1}{f} \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_c^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nb} \right) + b_3^2 \frac{f-1}{f} \frac{b-1}{b} \left(\sigma_e^2 + \frac{\sigma_d^2}{n} \right)$$

$$t = \frac{b_1^2 \frac{n-1}{n} \sigma_d^2 + b_2^2 \frac{f-1}{f} \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_c^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nb} \right) + b_3^2 \frac{f-1}{f} \frac{b-1}{b} \left(\sigma_e^2 + \frac{\sigma_d^2}{n} \right)}{b_1^2 \frac{n-1}{n} \sigma_d^2 + b_2^2 \frac{f-1}{f} \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_c^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nb} \right) + b_3^2 \frac{f-1}{f} \frac{b-1}{b} \left(\sigma_e^2 + \frac{\sigma_d^2}{n} \right)}$$

5 seleção massal
no bloco/block
mass selection

$$I = b_5(X_{ijk} - \bar{X}_{.j.})$$

$$t = \frac{b_5^2 \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_c^2}{b} \right) - b_5^2 \frac{\sigma_d^2}{nf}}{b_5^2 \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_c^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nf} \right)} = \frac{\sigma_f^2 + \frac{\sigma_c^2}{b} - \frac{\sigma_d^2}{nf}}{\sigma_f^2 + \frac{\sigma_c^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nf}}$$

6 seleção massal no
experimento
*experiment
mass selection*

$$I = b_6(X_{ijk} - \bar{X}...)$$

6.1 indivíduos na
mesma parcela/plants
in the same plot

$$t_1 \equiv \frac{b_6^2 (\sigma_f^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2) - b_6^2 \left(\frac{\sigma_d^2}{nfb} \right)}{b_6^2 (\sigma_f^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2 + \sigma_d^2)} \equiv \frac{\sigma_f^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2 - \frac{\sigma_d^2}{nfb}}{\sigma_f^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2 + \sigma_d^2}$$

6.2 indivíduos em
diferentes parcelas
plants in different plots

$$t_2 \equiv \frac{b_6^2 \sigma_f^2 - b_6^2 \left(\frac{\sigma_b^2}{b} + \frac{\sigma_e^2}{fb} + \frac{\sigma_d^2}{nfb} \right)}{b_6^2 (\sigma_f^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2 + \sigma_d^2)} \equiv \frac{\sigma_f^2 - \left(\frac{\sigma_b^2}{b} + \frac{\sigma_e^2}{fb} + \frac{\sigma_d^2}{nfb} \right)}{\sigma_f^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2 + \sigma_d^2}$$

$$b_1 = \frac{3/4 \sigma_A^2}{\sigma_d^2}; b_2 = \frac{(3+nb)/(4nb) \sigma_A^2}{\sigma_f^2 + \sigma_e^2 / b + \sigma_d^2 / nb}; b_3 = \frac{3/(4n) \sigma_A^2}{\sigma_e^2 + \sigma_b^2 / n}; b_4 = \frac{3/(4nf) \sigma_A^2}{\sigma_b^2 + \sigma_e^2 / f + \sigma_d^2 / nf}; b_5 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_f^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2}; b_6 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_f^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2 + \sigma_b^2}.$$

considerando famílias de meios irmãos/considering half-sib families ; $\sigma_A^2, \sigma_f^2, \sigma_e^2, \sigma_b^2, \sigma_d^2$: variâncias genética aditiva, entre famílias, entre parcelas, entre blocos e entre plantas dentro de parcela, respectivamente/additive genetic variance, variance among families, among plots, among blocks, and among plants in the same plot; respectively; $X_{ijk}, \bar{X}_{.j}, \bar{X}_{i.}, \bar{X}_{.j}, \bar{X}_{i.}, \bar{X}_{...}$ valor individual, média da parcela, média da progênie, média do bloco e média geral, respectivamente/individual value, plot mean, progeny mean, block mean, and general mean, respectively

Tabela 2 - Estimadores dos coeficientes de correlação intraclass associados a vários métodos de seleção e ao delineamento experimental de blocos casualizados com uma planta por parcela.

Table 2 - Estimators for the intraclass correlation coefficients associated to several selection methods and to a randomized complete block design with one tree plot.

método <i>method</i>	índice <i>index</i>	correlação intraclass <i>intraclass correlation</i>
1 seleção dentro de progênes/selection within progenies	$I = b_7(\bar{X}_{ij} - \bar{X}_i)$	$t = \frac{-b_7^2 \frac{1}{b} (\sigma_e^2 + \sigma_b^2)}{b_7^2 \frac{b-1}{b} (\sigma_b^2 + \sigma_e^2)} = \frac{-1}{b-1}$
2 seleção combinada combined selection	$I = b_7(\bar{X}_{ij} - \bar{X}_i) + b_8(\bar{X}_i - \bar{X}_.)$	$t = \frac{-b_7^2 \frac{1}{b} (\sigma_e^2 + \sigma_b^2) + b_8^2 \frac{f-1}{f} \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_e^2}{b} \right)}{b_7^2 \frac{b-1}{b} (\sigma_e^2 + \sigma_b^2) + b_8^2 \frac{f-1}{f} \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_e^2}{b} \right)}$
3 índice multi-efeitos no experimento experiment multi-effects index	$I = b_8(\bar{X}_i - \bar{X}_.) + b_9(\bar{X}_{ij} - \bar{X}_i - \bar{X}_j + \bar{X}_.) + b_{10}(\bar{X}_j - \bar{X}_.)$	$t = \frac{b_8^2 \frac{f-1}{f} \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_e^2}{b} \right) - b_9^2 \frac{f-1}{f} \frac{\sigma_e^2}{b} - b_{10}^2 \left(\frac{\sigma_f^2}{f} + \frac{\sigma_b^2}{b} + \frac{\sigma_e^2}{fb} \right)}{b_8^2 \frac{f-1}{f} \left(\sigma_f^2 + \frac{\sigma_e^2}{b} \right) + b_9^2 \frac{f-1}{f} \frac{b-1}{b} \sigma_e^2 + b_{10}^2 \frac{b-1}{b} \left(\sigma_b^2 + \frac{\sigma_e^2}{f} \right)}$
4 índice multi-efeitos no bloco/block multi-effects index	$I = b_8(\bar{X}_i - \bar{X}_.) + b_9(\bar{X}_{ij} - \bar{X}_i - \bar{X}_j + \bar{X}_.)$	$t \cong 0$

5 seleção massal no bloco/block <i>mass selection</i>	$I = b_{11}(X_{ij} - \bar{X}_{.j})$	$t \equiv 0$
6 seleção massal no experimento <i>experiment mass selection</i>	$I = b_{12}(X_{ij} - \bar{X}_{..})$	$t \equiv \frac{b_{12}^2 \sigma_f^2 - b_{12}^2 \left(\frac{\sigma_b^2}{b} + \frac{\sigma_e^2}{fb} \right)}{b_{12}^2 (\sigma_f^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2)} \equiv \frac{\sigma_f^2 - \left(\frac{\sigma_b^2}{b} + \frac{\sigma_e^2}{fb} \right)}{\sigma_f^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2}$

$$b_7 = \frac{3/4 \sigma_A^2}{\sigma_e^2 + \sigma_b^2}; b_8 = \frac{(3+b)/(4b) \sigma_A^2}{\sigma_f^2 + \sigma_e^2/b}; b_9 = \frac{3/4 \sigma_A^2}{\sigma_e^2}; b_{10} = \frac{3/(4f) \sigma_A^2}{\sigma_b^2 + \sigma_e^2/f}; b_{11} = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_f^2 + \sigma_e^2}; b_{12} = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_f^2 + \sigma_e^2 - \sigma_b^2},$$

considerando famílias de meios irmãos/*considering half-sib families* $\sigma_A^2, \sigma_f^2, \sigma_e^2$ e σ_b^2 : variâncias genética aditiva, entre famílias, entre parcelas e entre blocos, respectivamente/*additive genetic variance, variance among families, among plots, and among block, respectively* $\sigma_A^2, \sigma_f^2, \sigma_e^2$ e σ_b^2 : valor individual, média da família, média do bloco e média geral, respectivamente/*individual value, family mean, block mean, and general mean, respectively*

Na Tabela 3 são apresentados os ganhos genéticos calculados com base nos diferenciais de seleção observado e padronizados com e sem correção, obtidos com base nos dados do trabalho de RESENDE *et al.* (1995).

Tabela 3 - Ganhos genéticos (G_{nc} , G_c , G_o) calculados com base nos diferenciais de seleção padronizados não corrigido (K_{nc}), corrigido (K_c) e observado no experimento, respectivamente

Table 3 - Genetics gains (G_{nc} , G_c , G_o) obtained from selection differentials: uncorrected (K_{nc}), corrected (K_c) and observed in the experiment, respectively

método de seleção* selection method*	K_{nc}	K_c	G_{nc} (%)	G_c (%)	G_o (%)	r_{IA} **
massal mass	2,482	2,47	25,42	25,31	32,10	0,42
combinada combined	2,482	2,45	30,87	30,48	32,34	0,51
índice multi-efeitos multi-effects index	2,482	2,46	32,08	31,72	34,47	0,53

*seleção univariada (18 indivíduos em 1.070) para o caráter volume, desconsiderando o tamanho efetivo (N_e)/univariate selection (18 plants in 1,070) for volume, not considering the effective size

**acurácia/accuracy

Observa-se na Tabela 3, que embora as reduções (devido à correlação intraclasse entre os valores genéticos estimados) nos diferenciais de seleção padronizados tenham sido pequenas no presente caso, maior redução ocorre para a seleção combinada e menor para a seleção massal. Este fato concorda com os resultados obtidos por RESENDE & BERTOLUCCI (1995) e RESENDE *et al.* (1995), os quais mostraram que a seleção pelo método índice multi-efeitos foi sempre superior à seleção combinada nos seguintes aspectos: maior ganho genético, maior acurácia, maior tamanho efetivo populacional, maior intensidade de seleção realizada.

A associação entre maior tamanho efetivo populacional (para um mesmo número físico de indivíduos selecionados) e maior intensidade de seleção realizada é teoricamente esperada, pois um menor tamanho efetivo significa maior correlação intraclasse entre os valores genéticos estimados. Este fato explica a menor intensidade de seleção realizada que tem sido observada para a seleção combinada, pois conforme demonstrado em RESENDE & HIGA (1994), a seleção combinada conduz a menores tamanhos efetivos que o índice multi-efeitos.

De qualquer forma, no presente caso, a realização ou não da correção não afetaria as inferências, pois os ganhos genéticos estimados com base nos diferenciais de seleção observados mostraram-se superiores aos ganhos genéticos calculados com base nos diferenciais de seleção padronizados (Tabela

3). Para a seleção massal, HILL (1976) concluiu que a correção em função da correlação intraclasse não se faz necessária.

Para a seleção combinando informações da família e do indivíduo, as inferências dependem, sobretudo, da herdabilidade do caráter, e em menor extensão, do número de famílias avaliadas. Para herdabilidades superiores a 20%, correções no diferencial de seleção padronizado parecem não ser necessárias (Tabela 4).

Tabela 4 - Diferencial de seleção* padronizado corrigido para o coeficiente de correlação interclasse**, em função de herdabilidade (h^2) do caráter e do número (f) de famílias avaliadas

Table 4 - Standardized selection* differential corrected for the intra-class correlation** as a function of the heritability (h^2) of the trait and number (f) of families evaluated

h^2	f			
	5	10	20	50
0,05	2,38	2,38	2,39	2,41
0,10	2,42	2,43	2,43	2,43
0,20	2,45	2,45	2,45	2,45
0,30	2,46	2,46	2,46	2,46
0,40	2,46	2,46	2,46	2,46
0,50	2,46	2,46	2,46	2,46

*seleção utilizando informações de médias de famílias e dos indivíduos/selection using families means and plants information

** $t = \frac{1 - 0,25h^2}{1 + 2h^2}$, considerando grande número de indivíduos por família de meios

irmãos (ROBERTSON, 1961); intensidade de seleção: 18 em 1.070; diferencial de seleção padronizado não corrigido: 2,482/considering a large number of plants per half-sib family (ROBERTSON, 1961); selection intensity: 18 plants in 1,070; standardized selection differential not corrected: 2,482

Verifica-se que, para o caso de famílias de meios irmãos, fixando-se a herdabilidade, o diferencial de seleção corrigido pouco varia em função do número **f** de famílias avaliadas, principalmente para $f \geq 20$.

CONCLUSÕES

- 1) Para a seleção combinada e índice multi-efeitos, correções nos diferenciais de seleção padronizados são necessárias para valores de herdabilidade no sentido restrito a nível de indivíduos, menores do que 20%.
- 2) Para a seleção massal não são necessárias correções nos diferenciais de seleção padronizados.

- 3) O método índice multi-efeitos é superior à seleção combinada em termos de diferencial de seleção realizado, pois permite maior tamanho efetivo populacional.
- 4) Fixando-se a herdabilidade do caráter, o diferencial de seleção padronizado corrigido pouco varia em função do número f de famílias avaliadas, quando $f \geq 20$.

BIBLIOGRAFIA CITADA

- BURROWS, P. M. 1972. Expected selection differentials for directional selection. **Biometrics**, **28**:1091-1100.
- FALCONER, D. S. 1989. **Introduction to quantitative genetics**. Harlow, Essex. Longman. 438 p.
- HILL, W. G. 1969. On the theory of artificial selection in finite populations. **Genetical Research**, **13**:143-163.
- HILL, W. G. 1976. Order statistics of correlated variables and implications in genetic selection programmes. **Biometrics**, **32**:889-902.
- RAWLINGS, J. C. 1976. Order statistics for a special class of unequally correlated multinormal variates. **Biometrics**, **32**:875-887.
- RESENDE, M. D. V. de. 1994. Seleção precoce no melhoramento florestal. In: **Workshop SIF/UFV: Métodos de Seleção**. Belo Horizonte - MG p. 58-75.
- RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R. 1994. Estimação de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus* - seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, **28/29**:11-36.
- RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R. 1994. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. **Boletim de Pesquisa Florestal**, **28/29**:37-55.
- RESENDE, M. D. V. de; BERTOLUCCI, F. L. G. 1995. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE "Eucalypt Plantations: Improving Fibre Yield and Quality". Horbart - Austrália. p. 167-170.
- RESENDE, M. D. V. de; ARAÚJO, A. J.; SAMPAIO, P. T. B.; WIECHETECK, M. S. S. 1995. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Floresta** (no prelo).
- ROBERTSON, A. 1961. Inbreeding in artificial selection programmes. **Genetical Research**, **2**:189-94.
- WEBER, W. E. 1982. Selection in segregating generations of autogamous species. I. Selection response for combined selection. **Euphytica**, **31**:493-502.
- WRICKE, G.; WEBER, W. E. 1986. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. Walter de Gruyter, Berlin, 406 p.