

Ajuste para competição entre plantas em teste progênes e procedências de essências florestais

Adjusting to plant competition in forestry tree progeny and provenance trials

Eduardo Leonardecz-Neto
Roland Vencovsky
Alexandre Magno Sebbenn

ABSTRACT: The aim of this work was to introduce competition effects in the model underlying the analysis of forest tree experiments. Results were compared with analysis in which effects were neglected. Trials with different levels of precision and mortality were used, including the following species: *Galesia gorarema* Vell. Moq., *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden, *Eucalyptus citriodora* Hook, *Pinus elliotii* Engl. var. *elliotii* and *Araucaria angustifolia* (Bert.) Kuntze. Including the variable in general lead to a reduction of estimates of variance components and, to smaller expected progress from selection. The b coefficients of multi-effect selection index are also biased if competition is ignored. Results indicated that different sets of genotypes could be selected if the analyses of data were carried out with or without the competition effects. Including a competition variable in the analysis of trials in which plants are exposed to competing with each other is recommendable.

KEYWORDS: Competition, Genetic breeding, Genetic bias parameters, Tree species

RESUMO: No presente trabalho, buscou-se introduzir o efeito da competição entre plantas nas análises dos testes de progênes/procedências em essências florestais, com o fim de identificar os seus efeitos e as distorções devidas à sua não observância. Para tanto, foram utilizados ensaios com níveis de precisão e mortalidade diferentes, de cinco espécies, a saber: *Galesia gorarema* Vell. Moq., *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden, *Eucalyptus citriodora* Hook, *Pinus elliotii* Engl. var. *elliotii* e *Araucaria angustifolia* (Bert.) Kuntze. Caso ignorado o efeito de competição, quando este influencia a variável resposta Y, os ponderadores de b, que compõem o índice de seleção terão estimativas viesadas, gerando erro na seleção dos indivíduos superiores. Na análise de dados observou-se que a competição, de maneira geral, reduzia as estimativas das componentes de variância, e por conseqüência, outras estimativas de parâmetros que são função destes, quando comparado com as estimativas feitas por via das análises sem o ajuste para a competição. A análise com a variável competição não mostrou diferenças significativas para o efeito de progênes. Isto demonstra que a competição comportou-se de forma aleatória, o que corrobora para que seja incorporada na análise como uma covariável; caso contrário esta teria que ser considerada uma componente da performance e introduzida numa análise multicausal. Utilizando as análises com e sem ajuste para a competição, para estimar os valores genéticos e o ganho com a seleção, observou-se que os indivíduos selecionados não são concordantes. Isto indica que os equívocos na seleção podem

ser comuns, haja vista que o fato de se ajustar os dados faz com que o posto dos indivíduos tidos por superiores seja alterado. É recomendável considerar os efeitos da competição na análise de dados em que os indivíduos estão sujeitos a competir uns com os outros, no seu desenvolvimento.

PALAVRAS-CHAVE: Competição, Melhoramento genético, Viés de parâmetros genéticos, Espécies arbóreas

INTRODUÇÃO

A separação da variação genética da não genética é o principal objetivo de estudo da genética quantitativa (Falconer, 1989). Conseqüentemente, é fundamental a minimização ou estratificação da variação ambiental na escolha do delineamento utilizado (Magnussen e Yeatman, 1987). A heterogeneidade ambiental em experimentos genéticos florestais é inevitável, pois tais experimentos ocupam grandes áreas, devido à sua própria constituição. Além disso, os testes são conduzidos durante vários anos, até décadas, conforme o sítio de desenvolvimento da espécie estudada (Magnussen e Yeatman, 1987). Muita atenção tem-se prestado para reduzir esta heterogeneidade, buscando-se aumentar a eficiência estatística de experimentos genéticos florestais (Libby e Cockerham, 1980).

Os experimentos florestais costumam usar parcelas com número reduzido de árvores por parcela (Correl e Anderson, 1983; Lamberth e Gladstone, 1983; Libby e Cockerham, 1980; Leonardez-Neto, 1998; Resende, 1995). Um argumento comum para utilização de parcelas com pequeno número de árvores, é o aumento da eficiência estatística do delineamento, isto é, que o número de árvores está associado ao tamanho da parcelas e conseqüentemente do bloco; assim, diminuindo a unidade experimental, diminui-se também a variância dentro do bloco (Lamberth e Gladstone, 1983). Quando se considera também a acurácia, percebe-se que, com simulações de experimentos com tamanho fixo, é melhor aumentar o número de repetições em detrimento do tamanho da parcela (Resende, 1995;

Resende et. al., 1995), o que contribui para a diminuição da parcela e o aumento do número de repetições.

Uma falha importante das parcelas pequenas é o aumento das interações entre indivíduos vizinhos (Magnussen e Yeatman, 1987), devido à competição. Assim, a performance de uma progênie pode ser super ou subestimada devido à maior ou menor agressividade competitiva de seu vizinho. Uma vez estabelecida uma pequena superioridade, dá-se uma rápida distorção entre a performance dos competidores, não dando condições ao genótipo suprimido de expressar sua real condição genotípica (Edwards, 1956; Hühn, 1974).

Podem também ocorrer distorções bastante grandes nas estimativas dos parâmetros genéticos, nos experimentos que utilizam parcelas pequenas (Kempton, 1982; Magnussen e Yeatman, 1987). Isto será particularmente evidente em experimentos de grandes extensões, onde a variância fenotípica eleva-se devido à competição, a qual por sua vez, é um componente do quadrado médio do erro (Sakai e Mukaide, 1966; Stern, 1965). Isso pode ser isolado e, estimativas mais acuradas podem ser obtidas (Correl e Anderson, 1983; Freeman, 1979; Kempton, 1982; Magnussen e Yeatman, 1987).

A competição nos experimentos florestais pode ser definida como: a falta de espaço induzida por uma alta densidade intra-específica, onde esta alta densidade influi diretamente no desenvolvimento do indivíduo (Assman, 1970; Birch, 1957; Walther, 1960, citados por Magnussen e Yeatman, 1987). A competição induzida pela densidade é freqüentemente con-

siderada como sendo um balanço em que o potencial da planta é prejudicado ou favorecido, potencializando ou reduzindo o desenvolvimento da planta vizinha (Draper e Guttman, 1980; Hühn, 1973). Os modelos para estimação dos valores genéticos individuais consideram que, o desenvolvimento da árvore é devido ao seu potencial genético individual, somado ao efeito ambiental, o qual pode ser estimado através de vários métodos (Resende, 1991; Resende e Higa, 1994a e 1994b; Resende, 2002), no entanto tais previsões, muitas vezes desconsideram os efeitos de competição.

Os efeitos da competição, induzidos pela densidade no crescimento em florestas e suas conseqüências em inúmeros espaçamentos, têm sido estudadas em plantações de monocultura (Hamilton, 1969; Magnussen, 1994). Publicações sobre os efeitos da densidade induzida, sob vários aspectos genéticos nos materiais florestais, eram pouco expressivas até há pouco tempo atrás (Fries, 1984; Franklin, 1979; Matheson e Raymond, 1983; Wilusz e Giertych, 1974). Atualmente está se dando um pouco mais de atenção à competição (Magnussen, 1994; Magnussen, 1993; Magnussen e Yeatman, 1987; Piutti e Cescatti, 1997), mas no Brasil não há registro da utilização de modelos que pressuponham competição em florestas via um índice que a estime explicitamente. Podem ser encontradas estruturas de análises, que buscam minimizar ou identificar tal efeito, tal como exposto por Mori (1987). Índices de competição estimam a competição total para árvores adjacentes que se assume estarem afetando o desenvolvimento de outro indivíduo. Tais índices usualmente levam em conta, direta ou indiretamente, o número de competidores, o tamanho do indivíduo, o tamanho do competidor e a distância entre os competidores (Hatch et al., 1975; Daniels, 1976; Piutti e Cescatti, 1997; Magnussen, 1994).

As análises consideram que o crescimento dos indivíduos da parcela está correlacionado aos indivíduos das parcelas adjacentes, devido ao micro-ambiente comum ou pelo gradiente de nutrientes criado pelo desenvolvimento do vizinho. Uma variante do método do vizinho próximo é o método das médias flutuantes (Wright, 1978), que tem sido aplicado com sucesso nos testes genéticos florestais em que há grande variância fenotípica dentro de blocos.

Nos modelos utilizados para análise de dados dos testes de progênie, com objetivo de melhoramento, não se faz uso dos efeitos de competição, por não haver rotinas estabelecidas ou mesmo um aplicativo desenvolvido para esse fim. Assim, faz-se necessário o estabelecimento de uma rotina de análise, pela qual seja possível minimizar ou excluir o efeito da competição intergenotípica. Assim espera-se isolar de forma mais eficiente a variação devida ao ambiente, fazendo com que a análise expresse de forma mais consistente a realidade experimental.

Dessa forma, o desenvolvimento deste trabalho objetivou: utilizar o ajuste de competição entre plantas vizinhas, em experimentos empregados para seleção em essências florestais; e verificar o efeito de ajuste sobre estimativas do progresso genético e outros parâmetros genéticos quantitativos.

MATERIAL E MÉTODOS

Estrutura dos ensaios

Neste trabalho foram utilizados dados cedidos pelo Instituto Florestal de São Paulo (IF) e pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF). Trabalhou-se com cinco espécies, a saber: *Galesia gorarema* Vell. Moq., *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden, *Eucalyptus citridora* Hook, *Pinus elliottii* Engl. var. *elliottii*, *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze (Tabela 1).

Tabela 1

Resumo da estrutura experimental dos testes de progênie das cinco espécies utilizadas.
(Summary of experimental design of progeny and provenance trials in five tree species used)

	<i>G. gorarena</i>	<i>E. grandis</i>	<i>E. citriodora</i>	<i>P. elliotii</i>	<i>A. angustifolia</i>
Delineamento	DBC	DBC	DBC	DBC	DBFC
(Sub) Parcela	Linear	Linear	Linear	Linear	Linear
Plantas/Parcela	5	10	6	4	10
Repetições	6	3	4	5	3
Progênies	58	56	56	32	123
Espaçamento (m)	3x3	3x3	3x2	3x3	3x2

DBFC: Delineamento em Blocos de Famílias Compactas; DBC: Delineamento em Blocos Casualizados.

O teste de procedências de *P. elliotii* foi implantado em 1973 no Parque Estadual de Campos do Jordão. Os testes de progênie de *E. citriodora* e *E. grandis* foram instalados na Estação Experimental do Anhembi em 1988 e 1982 respectivamente, e o de *G. gorarena* foi instalado em 1982 em Pederneiras. O ensaio de *A. angustifolia* foi estruturado em um delineamento em blocos de famílias compactas (DBFC) e instalado em 1980 na Estação Experimental de Itapeva. Foram utilizadas 123 progênies, distribuídas em 15 procedências, com subparcelas lineares de dez plantas e três repetições (Tabela 2).

Tabela 2

Detalhes das procedências e número de progênies por procedência de *A. angustifolia*.
(Details of provenance and progenies number of *A. angustifolia*)

	Procedência	Progênies	Lat. (°S)	Long. (°W)	Alt. (m)
1	Barbacena - MG	9	21°00'	43°50'	1206
2	Ipiúna de Calda - MG	14	21°40'	46°10'	1300
3	Congonhal - MG	6	21°42'	46°15'	854
4	Lambari - MG	5	22°00'	45°30'	878
5	Vargem Grande do Sul - SP	5	21°30'	46°30'	800
6	Camanducaia - MG	7	22°30'	46°20'	1600
7	Campos do Jordão - SP	9	19°00'	45°30'	1800
8	Itapeva - SP	9	24°17'	48°54'	930
9	Itararé -SP	10	24°30'	49°10'	930
10	Irati - PR	7	25°30'	50°36'	880
11	Irati (Tardio) - PR	10	25°30'	50°36'	880
12	Quatro Barras - PR	9	25°20'	49°14'	915
13	Caçador - SC	4	26°46'	51°01'	960
14	Chapecó - SC	9	27°07'	52°36'	675
15	Três Barras - SC	10	25°15'	50°18'	760

Índice de competição

Neste trabalho foi utilizado o Índice de Competição de Hegyi (Hegyi, 1974), devido à sua fácil utilização e compreensão e por não apresentar dificuldades de estimação. Consiste em se obter uma medida de competição por meio das distâncias e do desenvolvimento dos oito possíveis vizinhos de cada planta, no ensaio.

A expressão que mensura a competição é:

$$C_{ijk} = \sum_{k=1}^8 \frac{\left(\frac{Y_{ijk'}}{Y_{ijk}} \right)}{DIST_{ijk,ijk'}} = \sum_{k=1}^8 \frac{Y_{ijk'}}{DIST_{ijk,ijk'} Y_{ijk}}$$

em que: C_{ijk} = valor de competição referente ao indivíduo; Y_{ijk} ; Y_{ijk} = valor fenotípico do indivíduo k , da progênie i , no bloco j , mensurado para um certo caráter quantitativo (na presente pesquisa considerou-se o diâmetro a altura do peito (DAP)); Y_{ijk} = valor fenotípico mensurado no competidor k' ; $DIST_{ijk, ijk'}$ = distância entre o indivíduo k e seu competidor k' .

Este índice de competição não será nulo, mesmo em uma condição hipotética onde todos os indivíduos do ensaio tenham um desenvolvimento igualitário. Nesta condição, mesmo que todos os indivíduos possuam o mesmo desenvolvimento ($Y_{ijk} = Y_{ijk'}$), tem-se que:

$$C_{ijk}^* = \sum_{k=1}^8 \frac{1}{DIST_{ijk, ijk'}}$$

O somatório do inverso das distâncias entre competidores é o valor esperado quando todos os indivíduos em questão estão respondendo igualmente à competição. Este também deve ser o valor a ser introduzido no ajuste de médias para a covariável, e não o valor médio de competição, pois assim, em uma condição em que os indivíduos estão respondendo igualmente à competição, não haverá correção para a variável resposta (Y avaliado), ou seja, o valor Y ajustado será igual ao de Y avaliado.

Modelos matemáticos e análise com covariável

O modelo linear para descrição do valor individual, comumente utilizado em um delineamento em blocos casualizados, com K informações por parcela é:

$$Y_{ijk} = m + f_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk} \quad (1)$$

em que: Y_{ijk} = valor do k -ésimo indivíduo no j -ésimo bloco da i -ésima progênie; m = média geral; f_i = efeito da progênie i ($i = 1, 2, 3, \dots, I$); b_j = efeito do bloco j ($j = 1, 2, 3, \dots, J$); e_{ij} = erro experimental; d_{ijk} = desvio fenotípico do indivíduo k dentro da parcela ij .

Este modelo matemático indica que uma dada variável resposta é função apenas de efei-

tos tais como do ambiente comum (bloco), do potencial genético (progênie), do indivíduo na parcela (desvio fenotípico dentro) e de um resíduo que é função de efeitos não mensuráveis ou que não foram isolados pelo delineamento. No entanto, pode haver algum fator adicional que seja responsável por influenciar a variável resposta em questão. Este fator não sendo incluído no modelo matemático, e obviamente nas análises, gerará uma inadequação do modelo. Não sendo o efeito deste fator isolado no resíduo, ele poderá levar a um viés nas estimativas dos parâmetros.

Um dos métodos utilizados para se ajustar a variável resposta, quando influenciada por uma variável adicional, é a análise de covariância, comumente denominada de análise com covariável. Este método permite corrigir os dados de uma forma tal que as variações devidas a covariável sejam minimizadas, ou até mesmo anuladas, fornecendo assim, estimativas corretas das componentes de variância e de outros parâmetros. Considerando um modelo estatístico tradicional e incluindo uma covariável X , tem-se (Federer, 1955; Steel e Torrie, 1980; Searle, 1987; Vencovsky e Barriga, 1992; Ramalho et al., 2000; Resende, 2002).

$$Y_{ijk} = m + f_i + b_j + \mathbf{b}(X_{ijk} - \bar{X} \dots) + e_{ij} + d_{ijk}$$

sendo que no presente caso:

$$Y_{ijk} = m + f_i + b_j + \mathbf{b}(C_{ijk} - \bar{C} \dots) + e_{ij} + d_{ijk} \quad (2)$$

em que: β é o coeficiente de regressão linear entre a variável resposta e a covariável, C_{ijk} é o valor da variável de competição associada ao indivíduo Y_{ijk} e $\bar{C} \dots$ é a média geral da variável de competição no ensaio.

Como o objetivo é retirar o efeito da variável que está influenciando a variável resposta, pode-se reescrever o modelo da seguinte forma:

$$Y_{ijk} - \mathbf{b}(C_{ijk} - \bar{C} \dots) = m + f_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk} \quad (3)$$

Assim, afasta-se a influência da covariável sobre a variável resposta.

Substituindo o valor médio da covariável pela expectativa de ausência de competição, como sugerido anteriormente, tem-se:

$$Y_{ijk} - \beta(C_{ijk} - C_{ijk}^*) = m + f_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk} \quad (4)$$

Esta estruturação feita em (4), não altera a inclinação da reta da regressão, altera apenas sua posição no plano. Aqui utilizou-se para análise o procedimento padrão do SAS®, o qual faz uso do desvio em relação à média, no entanto, para cálculo dos valores de Y ajustados, o desvio utilizado foi em relação à ausência de competição, ou seja, como o termo antes da igualdade em (4). Este procedimento faz com que não haja correção para Y_{ijk} em uma condição de vizinhança igualitária, já que o multiplicador do coeficiente β será nulo.

As pressuposições assumidas para se proceder à análise, incluindo uma covariável, conforme Steel e Torrie (1980); Ramalho et al. (2000) e Resende (2002), são as seguintes: (i) a covariável é uma variável matemática, medida sem erro e independente dos tratamentos; (ii) a regressão entre Y e C, após remoção das diferenças de blocos e tratamentos, é linear e independente de blocos e tratamentos; (iii) o resíduo é normalmente e independentemente distribuído, com média zero e variância $I\sigma_e^2$.

Para a covariável competição, estas três pressuposições não são satisfeitas na íntegra, uma vez que a estimativa da competição de cada indivíduo viola a primeira condição. Mas trabalhos como o de Stork (1989), demonstram que a utilização de índices contendo erros de estimativas e dependentes dos dados, não deve ser a única ou a principal preocupação para se fazer uma análise confiável. A escolha adequada do local para a realização dos experimentos, a redução da variância do erro experimental e de blocos são tão ou mais importantes do que o erro associado à covariável. Este autor também demonstrou que, com número adequado de tratamentos e/ou blocos, a dependência entre a covariável X e a variável resposta Y, bem

como os erros contidos em X provocam prejuízos mínimos à análise da covariância. Eberhart e Russel (1966), também violam a condição (i), na execução de sua proposta de análise de estabilidade.

Métodos de seleção

A seleção foi realizada por meio do índice multi-efeitos, que se baseia na multiplicação dos valores fenotípicos referentes ao indivíduo, à média da progênie, à média do bloco e à média geral do experimento pelos respectivos coeficientes de ponderação. Os coeficientes do índice correspondem às herdabilidades associadas aos efeitos de indivíduos dentro de parcelas (h_d^2) de progênies (h_f^2), de parcelas (h_p^2) e de blocos (h_b^2), de forma que:

$$b_1 = h_d^2 = \frac{(1-r)\sigma_A^2}{\sigma_d^2} \quad b_2 = h_f^2 = \frac{\frac{1+(nb-1)r}{nb}\sigma_A^2}{\sigma_f^2 + \frac{\sigma_e^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nb}}$$

$$b_3 = h_p^2 = \frac{\frac{1-r}{n}\sigma_A^2}{\sigma_e^2 + \frac{\sigma_d^2}{n}} \quad b_4 = h_b^2 = \frac{\frac{1-r}{np}\sigma_A^2}{\sigma_b^2 + \frac{\sigma_e^2}{p} + \frac{\sigma_d^2}{np}}$$

em que: n= número de plantas por parcela; r= coeficiente genético de correlação intraclasse entre indivíduos nas progênies. Neste trabalho assume-se que as progênies são de meios irmãos, de modo que $r=0,25$; b= número de blocos; p= número de progênies; σ_A^2 = variância genética aditiva; σ_d^2 = variância do desvio fenotípico dentro de parcelas; σ_e^2 = variância do erro experimental; σ_b^2 = variância entre blocos; σ_f^2 = variância entre progênies.

Segundo Resende e Higa (1994b), a expressão para estimação do valor genético com uma seleção baseada em desvios, adequada para DBC com mais de uma planta por parcela, passa a ser:

$$I_{ijk} = h_d^2(Y_{ijk}) + (h_p^2 - h_d^2)\bar{Y}_{ij.} + (h_b^2 - h_p^2)\bar{Y}_{.j.} \\ + (h_f^2 - h_p^2)\bar{Y}_{i..} + (h_p^2 - h_b^2 - h_f^2)\bar{Y} \dots$$

em que: I_{ijk} = valor genético do indivíduo ijk ; h_p^2 = herdabilidade ao nível de parcela; h_b^2 = herdabilidade ao nível de bloco; h_f^2 = herdabilidade ao nível de progênie.

Nos ensaios de progênies/procedências, é necessário incluir no modelo o efeito de procedências, o qual pode ser considerado como fixo (usualmente quando o número de procedências é pequeno), ou aleatório. Ao fazer uso da consideração de que o efeito da população como sendo fixo, pode-se usar a descrição de análise assim como esta em Resende et al., 1995; em que a estimação fica idêntica à do DBC, como se estivesse fazendo uso de apenas uma população.

Na situação em que o efeito de procedências é aleatório, deve-se proceder como descrito por Resende (2002). De acordo com o modelo que inclui o efeito de procedência, em sua expressão usual, o método índice multi-efeitos fica:

$$I_{ijkl} = b_1(Y_{ijkl} - \bar{Y}_{ij\cdot l}) + b_2(\bar{Y}_{ij\cdot l} - \bar{Y}_{i\cdot\cdot l} - \bar{Y}_{\cdot j\cdot l} + \bar{Y}_{\cdot\cdot\cdot l}) + b_3(\bar{Y}_{i\cdot\cdot l} - \bar{Y}_{\cdot\cdot\cdot l}) + b_4(\bar{Y}_{\cdot\cdot\cdot l} - \bar{Y}_{\cdot\cdot\cdot\cdot}) + b_5(\bar{Y}_{\cdot j\cdot l} - \bar{Y}_{\cdot\cdot\cdot l} - \bar{Y}_{\cdot j\cdot\cdot} + \bar{Y}_{\cdot\cdot\cdot\cdot})$$

em que: I_{ijkl} = valor genético; Y_{ijkl} = valor do indivíduo k , no bloco j , pertencente a progênie i e à procedência l ; $\bar{Y}_{ij\cdot l}$ = média de parcela $ij.l$; $\bar{Y}_{i\cdot\cdot l}$ = média da progênie i pertencente à procedência l ; $\bar{Y}_{\cdot j\cdot l}$ = média da procedência l no bloco j ; $\bar{Y}_{\cdot\cdot\cdot l}$ = média de procedência l ; $\bar{Y}_{\cdot j\cdot\cdot}$ = média de bloco j ; $\bar{Y}_{\cdot\cdot\cdot\cdot}$ = média geral.

Considerando-se ausência de parentesco entre procedências, tem-se que:

$$b_1 = h_d^2 = \frac{(1-r)\sigma_{AD}^2}{\sigma_d^2}$$

$$b_2 = h_p^2 = \frac{\frac{1-r}{n}\sigma_{AD}^2}{\sigma_{eb}^2 + \frac{\sigma_d^2}{n}}$$

$$b_3 = h_f^2 = \frac{\frac{1+(nb-1)r}{nb}\sigma_{AD}^2}{\sigma_f^2 + \frac{\sigma_{eb}^2}{b} + \frac{\sigma_d^2}{nb}}$$

$$b_4 = h_{pop}^2 = \frac{\sigma_{AE}^2 + \frac{1+(nb-1)r}{npb}\sigma_{AD}^2}{\sigma_{pop}^2 + \frac{\sigma_{ea}^2}{b} + \frac{\sigma_f^2}{p} + \frac{\sigma_{eb}^2}{pb} + \frac{\sigma_d^2}{npb}}$$

$$b_5 = h_{pb}^2 = \frac{\frac{1-r}{np}\sigma_{AE}^2}{\sigma_{ea}^2 + \frac{\sigma_{eb}^2}{p} + \frac{\sigma_d^2}{np}}$$

em que: h_{pop}^2 = herdabilidade entre procedências; σ_{pop}^2 = variância entre procedências; σ_{AE}^2 = variância genética aditiva entre procedências; σ_{AD}^2 = variância genética aditiva dentro de procedências.

Ao utilizar o índice de seleção, após incluir a covariável competição, as expressões de I_{ijk} e I_{ijkl} usadas nesta pesquisa, são as mesmas que as dadas anteriormente. A exceção sendo os vários valores individuais de Y , que sofreram ajuste, e por conseqüência, as médias serão ajustadas também; e as herdabilidades, todas agora estimadas após ajuste dos dados e dos quadrados médios, via covariância.

A metodologia usada aqui para obter os valores de Ne em populações com seleção de diferentes números de indivíduos por progênie e , em função de sua biologia reprodutiva, está descrito em Vencovsky (1978) e Resende e Bertolucci (1995). A acurácia foi estimada conforme descrição de Resende et al. (1995) e Leonardecz-Neto et al. (1999). O intervalo de confiança do ganho genético (IC), referente aos métodos de seleção foi construído considerando o estimador da variância do erro contido nos valores genéticos aditivos preditos, conforme descrito em Resende, et. al. (1995). Métodos de maior acurácia irão apresentar intervalos menos amplos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

É preciso enfatizar que, no desenvolvimento desta pesquisa, foram escolhidos experimentos com níveis diferentes de precisão e mortalidade, com a finalidade de verificar como o uso da covariável alteraria as estimativas diante desse aspecto. As Tabelas 3 e 4 apresentam os principais resultados.

O coeficiente de variação do erro de parcelas (CVe) variou na faixa dos 20% até o máximo de 45% (Tabela 4), se a covariável for desconsiderada. Introduzindo esta última notou-se ligeira redução do coeficiente Cve, em termos gerais. Após a correção dos dados para os efeitos da competição houve também ligeira redução na variação fenotípica dentro das parcelas, conforme indicam os valores de CVd.

Tabela 3

Análise da variância para DAP em *G. gorarema*, *E. grandis*, *E. citriodora*, *P. elliotii* e *A. angustifolia* com e sem ajuste para a covariável C e análise desta última.

Variance analyses to DBH in *G. gorarema*, *E. grandis*, *E. citriodora*, *P. elliotii* and *A. angustifolia* with and without adjusting to C covariable and analyses this later)

FV	Sem ajuste			Com ajuste			Competição		
	GL	QM	P>F	GL	QM	P>F	GL	QM	P>F
<i>G. gorarema</i>									
Blocos	5	103,26	0,0004	5	73,16	0,0015	5	4,04	0,0010
Progênieis	57	22,60	0,4085	57	14,30	0,8613	57	1,24	0,0830
Erro	285	21,76	<0,0001	285	18,17	<0,0001	285	0,95	0,7164
C	-	-	-	1	2852,27	<0,0001	-	-	-
Dentro	1300	3,84	-	1299	1,65	-	1300	1,01	-
<i>E. grandis</i>									
Blocos	2	246,78	0,0050	2	108,70	0,0590	2	1,45	0,0361
Progênieis	35	67,87	0,0541	35	47,49	0,1854	35	0,34	0,7396
Erro	70	43,13	0,1224	70	36,89	0,0381	70	0,41	0,0004
C	-	-	-	1	3297,91	<0,0001	-	-	-
Dentro	402	35,29	-	401	27,15	-	402	0,23	-
<i>E. citriodora</i>									
Blocos	3	18,69	0,2969	3	17,23	0,3745	3	0,05	0,9558
Progênieis	55	12,57	0,7753	55	16,83	0,4496	55	0,45	0,6156
Erro	151	15,04	0,5096	151	16,48	0,0013	151	0,49	0,0004
C	-	-	-	1	1357,50	<0,0001	-	-	-
Dentro	322	15,13	-	321	10,95	-	322	0,31	-
<i>P. elliotii</i>									
Blocos	4	10,39	0,6628	4	73,02	0,0006	4	1,28	0,1281
Progênieis	31	51,82	<0,0001	31	20,16	0,0797	31	0,94	0,1366
Erro	122	17,29	0,1573	122	13,89	<0,0001	122	0,70	<0,0001
C	-	-	-	1	3983,46	<0,0001	-	-	-
Dentro	411	15,02	-	410	5,34	-	411	0,30	-
<i>A. angustifolia</i>									
Blocos	2	90,14	0,0133	2	36,06	0,0654	2	6,78	0,1420
Populações	14	63,80	0,0002	14	47,92	<0,0001	14	3,43	0,4589
Erro (a)	25	79,94	<0,0001	25	75,41	<0,0001	25	3,04	0,6265
Progênieis	108	27,63	0,0361	108	16,92	0,0614	108	3,74	0,3060
Erro (b)	177	20,36	<0,0001	177	13,02	<0,0001	177	3,44	<0,0001
C	2592	8,79	-	1	11089,69	<0,0001	2592	2,33	-
Dentro	2918	-	-	2591	4,51	-	2918	-	-

GL= graus de liberdade; QM= quadrados médios; P>F=probabilidade do teste F; C= efeito de competição.

Tabela 4

Estimativas das componentes de variância, parâmetros genéticos quantitativos e alguns parâmetros extraídos da ANAVA.

(Estimated of variance components, quantitative genetic parameters and some parameters extracted of ANAVA)

	<i>G. gorarema</i>		<i>E. grandis</i>		<i>E. citriodora</i>		<i>P. elliotii</i>		<i>A. angustifolia</i>	
	Y aval.	Y ajust.	Y aval.	Y ajust.	Y aval.	Y ajust.	Y aval.	Y ajust.	Y aval.	Y ajust.
$\hat{\sigma}_d^2$	3,8391	1,6463	35,2893	27,1531	15,1287	10,9469	15,0169	5,3378	8,7903	4,5137
$\hat{\sigma}_e^2$	3,7932	3,4994	1,7311	2,1554	-0,0322	2,3051	0,6387	2,4091	1,3068	0,9611
$\hat{\sigma}_b^2$	0,3026	0,2048	1,4142	0,5064	0,0351	0,0071	-0,0690	0,5785	0,0127	-0,0489
$\hat{\sigma}_{ea}^2$	-	-	-	-	-	-	-	-	0,9086	0,9521
σ_f^2	0,6695	0,4521	1,9039	0,8187	-0,3023	0,0421	2,0512	0,3745	0,3126	0,1678
$\hat{\sigma}_{pop}^2$	-	-	-	-	-	-	-	-	0,0043	0,0036
$\hat{\sigma}_A^2$	2,6781	1,8084	7,6158	3,2751	-1,2095	0,1683	8,2048	1,4981	1,2506	0,6713
$\hat{\sigma}_{AE}^2$	-	-	-	-	-	-	-	-	0,0043	0,0036
$\hat{\sigma}_{AD}^2$	-	-	-	-	-	-	-	-	1,2464	0,6676
\hat{h}_d^2	0,5232	0,8238	0,1618	0,0904	-	0,0115	0,4987	0,2105	0,1063	0,1109
\hat{h}_f^2	0,5151	0,4562	0,5726	0,3687	-	0,0440	0,7165	0,3834	0,4921	0,2888
\hat{h}_p^2	0,0880	0,0708	0,1086	0,0504	-	0,0051	0,3502	0,0750	0,0428	0,0355
\hat{h}_b^2	0,1816	0,0172	0,0101	0,0106	-	0,0046	0,3502	0,0126	-	-
\hat{h}_{pb}^2	-	-	-	-	-	-	-	-	2,8x10 ⁻⁶	2,3x10 ⁻⁶
\hat{h}_{pop}^2	-	-	-	-	-	-	-	-	0,0223	0,0143
r_{1a}	0,3363	0,5138	0,1335	0,0717	-0,0284	0,0089	0,5779	0,3742	-	-
β	-	-1,477	-	-1,354	-	-5,643	-	-5,925	-	-3,686
p>t	-	<0,0001	-	<0,0001	-	<0,0001	-	<0,0001	-	<0,0001
C_1	-	2,276	-	2,276	-	2,776	-	2,276	-	2,776
C_2	-	2,778	-	1,080	-	1,115	-	2,071	-	2,813
p>F	-	>0,38	-	<0,0001	-	<0,0001	-	<0,0001	-	0,0001
⊕	-	31,1	-	52,8	-	60,4	-	38,9	-	30,9
CVe	45,2	41,2	44,3	35,4	22,0	19,7	24,2	22,3	21,0	22,0
CVd	18,9	12,4	29,1	20,9	20,5	12,2	21,8	19,1	21,8	17,9
% sel.	2,9	-	23,7	-	-	-	9,7	-	2,3	-
N	48,0	48,0	121,0	121	-	-	55,0	55,0	68,0	68,0
N _e	35,4	39,8	38,1	35,4	-	-	35,5	37,0	35,3	50,0
Cons.	-	45,8	-	75,2	-	-	-	74,5	-	63,2
m	10,32	10,32	27,18	27,18	-	-	18,87	18,87	10,17	10,17
Gs %	2,61	4,17	12,03	3,84	-	-	29,13	5,62	68,82	8,85
IC %	1,90	3,50	11,26	1,82	-	-	28,62	4,35	-	-
	3,32	4,47	12,86	5,85	-	-	29,63	6,88	-	-

r_{1a} = acurácia seletiva; $C_1 = \bar{C}_{ijk}^*$; $C_2 = \bar{C}_{\dots}$; ⊕ = mortalidade (%); N = número de selecionados no ensaio; N_e = tamanho efetivo da população selecionada; Cons = coincidência entre os selecionados com e sem ajuste (%); m = média geral do ensaio; Gs% = expectativa de ganho com seleção em %; IC% = intervalo de confiança do ganho em %, demais itens descritos no texto.

Com relação à variação genética do DAP entre progênies o ajuste para a covariável em geral reduziu o nível de significância do teste F desta fonte de variação. Isso indica que, antes do ajuste, parte das diferenças no DAP, entre as progênies era devida a uma variação na capacidade de competição das plantas. Nem todos os testes de progênie tiveram precisão suficiente para detectar significância de F para progênies. De fato, com C_V alto, nem mesmo a análise de covariância corrigiu esta deficiência na precisão experimental dos experimentos.

Pela análise da variância da variável de competição, notou-se que, em nenhum caso houve significância do teste F relativo a progênies. Pode-se concluir daí não ter sido possível detectar uma variação genética significativa entre progênies, quanto à capacidade de competição delas. Outra conclusão, no caso, é que a maior parte da variação nos níveis de competição sofrida pelas plantas é primordialmente aleatória, reforçando a necessidade e adequação de uma correção dos dados para a covariável considerada.

O efeito da competição, medido pelo coeficiente β (Tabela 4), foi significativo em todos os experimentos (Tabela 3) indicando a importância deste fenômeno, na avaliação de progênie e na seleção praticada subseqüentemente. Os valores de \hat{b} foram todos negativos, variando de -1,354 a -5,925 (Tabela 4) o que indica uma redução no DAP à medida que a competição intergenotípica aumenta em ensaios como os aqui avaliados. Também não foi detectada nenhuma relação entre o coeficiente β e mortalidade (Tabela 4), já que estes valores variam de forma independente.

Os valores de competição estimados para uma condição hipotética C_{ijk}^* , ficaram próximos dos valores de $\bar{C}_{...}$ (Tabela 1), nos casos em que a mortalidade ficou na faixa dos 30%. No entanto, *E. grandis* e *E. citriodora*, que tiveram mortalidades superiores a 50%, houve uma distância bastante grande entre esses valores. Isso deve-se ao fato de que ao se estimar a

competição de uma dada planta, e esta não tendo um potencial competidor, sua estimativa fica abaixo do valor C_{ijk}^* , indicando um favorecimento.

É interessante investigar a grandeza relativa dos componentes da variação do DAP. A componente da variância genética entre progênies (S_f^2) que é de maior importância, foi reduzida após o ajuste, com exceção de *E. citriodora*. Isso corrobora com o que foi mencionado anteriormente. O correspondente coeficiente de herdabilidade (h_f^2) alias, baixou de 0,575 para 0,456 em *G. gorarema* e de 0,716 para 0,383, em *P. elliotii* citando apenas casos extremos.

Apesar de se ter verificado uma redução da variação fenotípica dentro de progênies, não se observou consistente aumento da herdabilidade (h_d^2) neste nível de estratificação. Deveu-se isso à grandeza das estimativas da variância genética aditiva, que não se alterou de forma proporcional.

De qualquer forma, essas alterações levam sem dúvida a estimativas diferentes do progresso esperado, conforme será visto em seqüência. Esse viés, naturalmente, também afetará o julgamento e seleção das árvores superiores.

Para seleção, não foi estabelecido um percentual da população avaliada para fazer parte da população recombinante. Neste trabalho utilizou-se com restrição o N_e de no mínimo 35, para se exercer a seleção. Foi estabelecido este tamanho para o método de análise que necessitasse de maior número de indivíduos para se obter este N_e , sendo que para o outro método foi sugerido selecionar o mesmo número de árvores.

Nos ensaios utilizados, notou-se diferenças entre N_e da população selecionada por via da análise, ignorando-se a competição e com análise fazendo uso desta (Tabela 4). Por exemplo, o ajuste aumentou o N_e de *P. elliotii* em 4%, enquanto que em *A. angustifolia* o aumento foi de 29,4%. O número de progênies selecionadas é maior quando se faz uso de

competição, diminuindo assim o número médio de indivíduos selecionados e a variância do número de selecionados por progênie; componentes estes que fazem parte do cálculo da estimativa do N_e . Isto ocorre dado o fato que ao se usar a competição como covariável, há uma homogeneização entre progênies.

Como citado anteriormente, o N_e adequado para se alcançar o teto seletivo, deve situar-se entre 30 e 60. Nota-se aqui, que em *G. gorarema* e *A. angustifolia*, um pequeno percentual da população avaliada é suficiente para se obter este valor de N_e (Tabela 4). Isto indica haver uma certa homogeneidade quanto ao desempenho genético das progênies avaliadas para a variável DAP, sendo selecionadas muitas progênies, não sendo necessário muitos indivíduos para um N_e adequado.

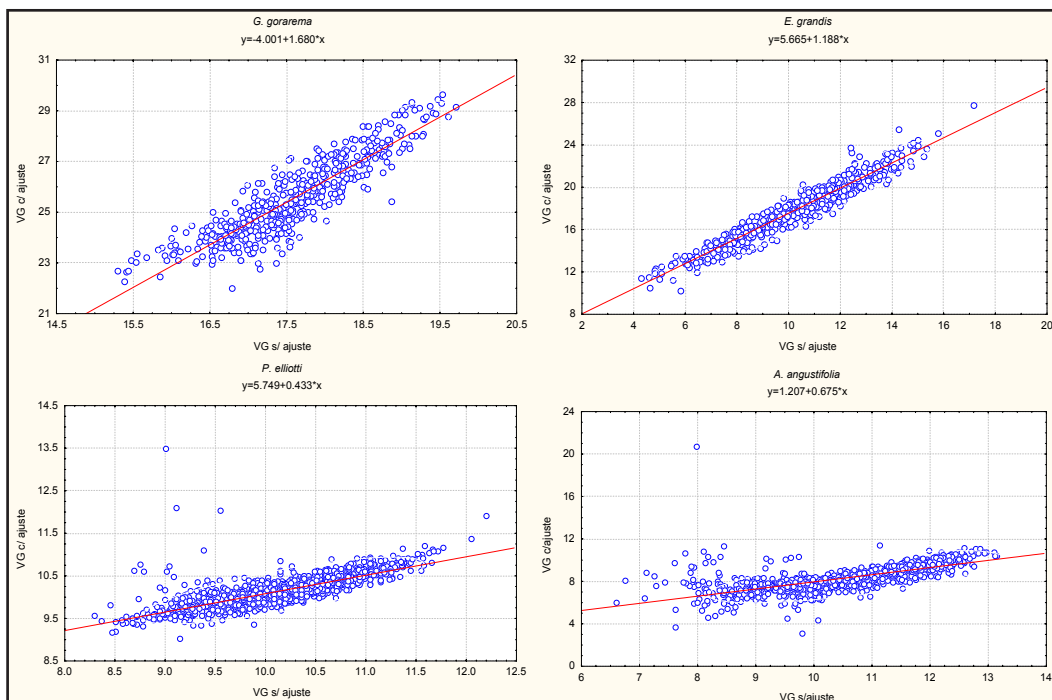
Por sua vez, os ensaios de *E. grandis* e *P. elliottii* tiveram um percentual selecionado bem mais elevado de sua população avaliada, para

se obter um mesmo patamar de seu N_e . No ensaio de *P. elliottii*, um pequeno número de progênie que foram testadas (Tabela 1), que por si só faz com que seja necessária a seleção de um grande número de indivíduos para obter-se o N_e estipulado como mínimo (35). Mas pode-se imaginar que as progênies de *P. elliottii*, por ser proveniente de material sob melhoramento, assim como o *E. grandis*, tenha menor divergência entre progênies do que as provenientes de população sem melhoramento algum. Desta forma, selecionam-se muitos indivíduos, mas de poucas progênies, as quais espera-se que já acumulem grande número de alelos favoráveis.

A razão entre selecionados, via análise usual e via análise com competição (Tabela 4), é pequena em *G. gorarema* e *A. angustifolia*, nos casos de populações sob processo de melhoramento, esta razão foi mediana. Estas razões, também são indicativas de que o posto

Figura 1

Interpolação entre Valor Genético Ajustado (VG_Ajust) e Valor Genético Avaliado (VG_Aval), para *G. gorarema*, *E. grandis*, *P. elliottii* e *A. angustifolia*, respectivamente. (Interpolation between adjusted breeding value (VG_Ajust) and evaluated breeding value (VG_Aval) for *G. gorarema*, *E. grandis*, *P. elliottii* and *A. angustifolia*, respectively)



dos selecionados pelas distintas análises, não é a mesma. Isto pode ser observado também na Tabela 4, na qual está o posto dos 48 indivíduos selecionados, com e sem ajuste, para *G. gorarema*. Nota-se nesta tabela, que o posto dos selecionados é bem distinto e as coincidências são poucas. O mesmo é demonstrado pela Figura 1, o qual relaciona o VG ajustados versus VG avaliado de quatro ensaios.

Com a inclusão da covariável competição (Tabela 4), ocorre uma sensível redução de ganho, em comparação a análise usual. Com exceção de *G. gorarema* e *E. citriodora*, sendo que este último passou a ter estimativas de parâmetros positivas ao se fazer uso da competição na análise (Tabela 3). Proporcionalmente, *A. angustifolia* foi que teve maior redução na expectativa de ganho (Tabela 4), a qual passou de 68,82%, para 8,85%. Importante ressaltar que a expectativa e ganho com seleção, invariavelmente, não equivalem ao ganho realizado, sendo o realizado via de regra, inferior ao estimado. Isto pode ser devido às alterações de ambiente em ciclos diferentes, que gera uma nova interação; ou devido a desvios dos cruzamentos aleatórios e cruzamentos biparentais; ou ainda, devido à análise não ser a mais adequada.

A inclusão da covariável reduziu a expectativa de ganho, a um patamar mais próximo do comumente relatado na literatura como realizado em essências florestais. O intervalo de confiança do ganho (IC), mostrou-se de pequena amplitude, apesar da pequena acurácia associada aos métodos de seleção para cada ensaio. O IC em *G. gorarema* teve menor amplitude para o Gs com ajuste para covariável, isto é devido ao IC ser função da magnitude da acurácia ($\hat{r}_{i,a}^2$, Tabela 4), sendo o inverso para os demais casos. Os IC não passam pelo zero, o que indica ganho real em relação a média da população avaliada, apesar das diferenças genéticas entre progênies não terem sido detectadas como significativas na suas respectivas ANAVAs (Tabela 3).

CONCLUSÕES

- ✓ A inclusão da competição nas análises reduziu a maioria das estimativas dos parâmetros genéticos quantitativos estudados, levando especialmente a uma expectativa de menor ganho genético se comparado à análise usual;
- ✓ O posto dos indivíduos selecionados via análise com covariável é distinto dos selecionados via análise sem este critério. A concordância entre os selecionados pelas diferentes abordagens, foi de mediana a baixa. Isso indica que diferentes grupos de genótipos seriam selecionados utilizando-se um ou outro processo de análise dos dados experimentais;
- ✓ O efeito da competição foi detectado em todos os ensaios, mas sua variação foi principalmente de natureza aleatória. Dessa forma, não foi necessário considerar a variável de competição como um componente do potencial genético das árvores.

É prática recomendável incluir a variável de competição na análise biométrica de ensaios com essências florestais em que os indivíduos são condicionados a competir uns com os outros, no seu desenvolvimento. Entretanto, são necessários mais pesquisas visando a adoção de um índice de competição ideal, contemplando adequadamente as falhas causadas pela mortalidade de plantas nos ensaios.

AUTORES

EDUARDO LEONARDECZ-NETO é Professor da Universidade Católica de Brasília - UCB - SGAN 916 - Módulo B - Asa Norte - Brasília, DF - 70790-900 - E-mail: leonardecz@pos.ucb.br

ROLAND VENCOVSKY é Professor Titular do Departamento de Genética da ESALQ / USP - Caixa Postal 9 - Piracicaba, SP - 13400-970 - E-mail: rvencovs@esalq.usp.br

ALEXANDRE MAGNO SEBBENN é Pesquisador do Instituto Florestal de São Paulo - Caixa Postal 1322 - São Paulo, SP - 01059-970 - E-mail: amsebbenn@bol.com.br

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CORREL, R.L.; ANDERSON, R.B. Removal of intervarietal competition effects in forestry varietal trials. **Silvae genetica**, v.32, p.162-165, 1983.
- DANIELS, R.F. Simple competition. **American naturalist**, v.98, p.5-18, 1957.
- DRAPER, N.R.; GUTTMAN, I. Incorporating overlap effects from neighbouring units into surface models. Applied statistics. **Journal of the Royal Statistics Society (C)**, v.29, p.128-134, 1980.
- EBERHART, S.A.; RUSSEL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop science**, v.6, p.36-40, 1966.
- EDWARDS, M.D. The design, layout and control of provenance experiments. **Silvae genetica**, v.5, p. 69-180, 1956.
- FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetic**. Harlow: Longman, 1989.
- FEDERER, W.T. **Experimental design: theory and application**. New York: Macmillan Company, 1955.
- FREEMAN, S.H. Some two-dimensional designs balanced for nearest neighbours. **Journal of the Royal Statistics Society (B)**, v.41, p.88-95, 1979.
- FRANKLIN, E.C. Model relating levels of genetic variance to stand development of four American conifers. **Silvae genetica**, v.28, p.88-95, 1979.
- FRIES, A. Spacing interaction with genotype and with and quality traits in a trial of seedling and grafted clones of Scot pine (*Pinus sylvestris*, L.). **Silvae genetica**, v.33, p.145-152, 1984.
- HAMILTON, G.J. The dependence of volume increment of individual trees on dominance, crown dimensions, and competition. **Forestry**, v.42, p.133-144, 1969.
- HATCH, C.R.; GERRARD, D.J.; TAPPEINER, J.C. Exposed crown surface area: a mathematical index of individual tree growth potential. **Canadian journal of forest research**, v.5, p.224-228, 1975.
- HEGYI, F. A simulation model for managing jack pine stands. In: FRIES, J., ed. **Growth models for tree and stand simulation**. Stockholm: Department of Forest Yield 1974. p.74-85 (Research notes, n.30)
- HÜHN, M. Populationsgenetische untersuchungen zur phänotypischen selektion in pflanzenbeständen mit konkurrenz. **Silvae genetica**, v.22, p. 2-145, 1973.
- HÜHN, M. Über den einfluss der konkurrenz auf die aussagefähigkeit forstlicher und landwirtschaftlicher versuche: experimentelle ergebnisse aus einer feldversuchsserie mit fichtenkreuzgen. **Silvae genetica**, v.23, p.74-94, 1974.
- KEMPTON, R.A. Adjustment for competition between varieties in plant breeding trials. **Journal of agricultural science**, v.98, p.599-611, 1982.
- LAMBERTH, C.C.; GLADSTONE, W.I. Statistical efficiency of row and non-contiguous family plots in genetic test of Loblolly pine. **Silvae genetica**, v.32, p. 24-28, 1983.
- LEONARDECZ-NETO, E. Variação genética e métodos de seleção em progênies sul-africanas de *Pinus patula* (Shiede & Deppe). Curitiba, 1998. 71p. Tese (Mestrado). Universidade Federal do Paraná
- LEONARDECZ-NETO, E.; GAIOTTO, F.A.; ROSSMANN, H.; BIERWAGEN, R. **Melhoramento de espécies perenes**. Piracicaba, 1999. 78p. (Série didática. ESALQ / USP)
- LIBBY, W.J.; COCKERHAN, C.C. Random non-contiguous plots in interlocking field layouts. **Silvae genetica**, v.29, p.183-190, 1980.
- MAGNUSSEN, S. Bias in genetic variance due to spatial autocorrelation. **Theoretical applied genetics**, v.86, p.349-377, 1993.
- MAGNUSSEN, S. A method to adjust simultaneously for spatial microsite and competition effects. **Canadian journal of forest research**, v.24, p.985-995, 1994.
- MAGNUSSEN, S.; YEATMAN, C.W. Adjusting for inter-row competition in Jack pine provenance trial. **Silvae genetica**, v.36, n.5/6, p.206-214, 1987.
- MATHESON, A.C.; RAYMOND, C.A. Effects of thinning in progeny tests on estimates of genetic parameters in *Pinus radiata*. **Silvae genetica**, v.33, p.125-128, 1983.
- MORI, E.S. **Efeitos da competição intra-específica na seleção de árvores superiores de *Eucalyptus saligna* (Smith.)**. Piracicaba, 1987. 87p. Tese (Mestrado). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Universidade de São Paulo.

- PIUTTI, E.; CESCATTI, A. A quantitative analysis of the introductions between climatic response and intraspecific competition in European beech. **Canadian journal of forest research**, v.27, p.277-284, 1997.
- RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 326p.
- RESENDE, M.D.V. 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**, n. 22/23, p.61-77, 1991.
- RESENDE, M.D.V. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista árvore**, v.19, n.4, p.470-500, 1995.
- RESENDE, M.D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA. Informação Tecnológica, 2002. 975p.
- RESENDE, M.D.V.; ARAÚJO, A.J.; SAMPAIO, P.T.B.; WIECHETECH, M.S.S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *P. caribaea* var. *hondurensis*. **Floresta**, v.24, n.1/2, p.35-45, 1995.
- RESENDE, M.D.V.; BERTOLUCCI, F.L.G. Maximisation of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CRC FOR TEMPERATE HARDWOOD FORESTRY, 1995. **Proceedings**. p.167-170.
- RESENDE, M.D.V.; HIGA, A.R. Estimação dos valores genéticos no melhoramento genético de *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e seus parentes. **Boletim de pesquisa florestal**, n.28/29, p.11-32, 1994a.
- RESENDE, M.D.V.; HIGA, A.R. Maximização da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. **Boletim de pesquisa florestal**, n.28/29, p.37-55, 1994b.
- SAKAI, K.Y.; MUKAIDE, H. Estimation of genetic, environmental, and competition variances in standing forest. **Silvae genetica**, v.16, p.149-152, 1966.
- SEARLE, S.R. **Linear models for unbalanced data**. New York: John Wiley, 1987. 536p.
- STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. New York: McGraw-Hill, 1980. 663 p.
- STERN, K. Vollständige varianzen und kovarianzen in pflanzen-beständen. **Silvae genetica**, v.14, p.6-11, 1965.
- STORK, L. **Modelos de regressão bi-segmentada descontinua com erros de medida aplicada na análise de estabilidade de cultivares**. Piracicaba, 1989. 217p. Tese (Doutorado). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Universidade de São Paulo.
- VENCOVSKY, R. Effective size of monoecious populations submitted to artificial selection. **Brazilian journal of genetics**, v.1, n.3, p.181-191, 1978.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade brasileira de genética, 1992. 486p.
- WILUSZ, W.; GIERTYCH, M. Effects of classical silviculture on the genetic quality of the progeny. **Silvae genetica**, v.23, p.127-130, 1974.
- WRIGHT, J.W. An analysis method to improve statistical efficiency of a randomized complete block design. **Silvae genetica**, v.27, p.12-14, 1978.