



MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, DO ABASTECIMENTO E DA REFORMA AGRÁRIA

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA
Centro Nacional de Pesquisa de Florestas - CNPFlorestas

DOCUMENTOS Nº 25

ISSN 0101-7691

GENÉTICA E MELHORAMENTO DA ERVA-MATE
(*Ilex paraguariensis* St. Hil.)

Marcos Deon Vilela de Resende
José Alfredo Sturion
Silvino Mendes

APRESENTAÇÃO

O presente documento oferece uma contribuição à genética, melhoramento e conservação dos recursos genéticos da erva-mate.

Abordando os fundamentos e a parte aplicada do melhoramento, destina-se aos professores, técnicos e produtores envolvidos com a silvicultura da espécie. Os capítulos iniciais (1 a 4) apresentam um cunho científico mais profundo e, portanto, são indicados aos professores e técnicos. Por outro lado, o capítulo 5, apresentado em linguagem direta e prática, é recomendado aos produtores.

O desenvolvimento do setor ervateiro depende do aumento da quantidade e qualidade de seus produtos. A obtenção destes requisitos passa, necessariamente, pelo melhoramento e conservação dos recursos genéticos da erva-mate.

Os autores

Exemplares desta publicação podem ser solicitados à:

EMBRAPA-CNPF
Estrada da Ribeira, km 111
Caixa Postal 319
83411-000 - Colombo - PR - Brasil
Telefone: (041) 766-1313
Telex: (41) 30120
Fax: (041) 766-1276

Tiragem: 500 exemplares

**COMITÊ DE PUBLICAÇÕES DO CNPF
1993/1995**

Yeda Maria Malheiros de Oliveira - **Presidente**
Guiomar Moreira de Souza Braguinha - **Secretária Executiva**
José Nogueira Junior - **Revisor Gramatical**

Titulares

Carlos Alberto Ferreira
Jarbas Yukio Shimizu
Antonio Aparecido Carpanezi
Rivaldo Salvador Lourenço
Moacir José Sales Medrado
Guilherme de Castro Andrade
Antonio Maciel Botelho Machado
Lidia Woronkoff

Suplentes

José Elidney Pinto Junior
Sergio Ahrens
Edson Tadeu Iede
Emilio Rotta
Sergio Gaiad
Gustavo Ribas Curcio
Carmen Lúcia Cassilha Stival

Resende, M. D. V. de

Genética e melhoramento da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) por Marcos Deon Villela de Resende, José Alfredo Sturion e Silvino Mendes. Colombo: EMBRAPA-CNPF, 1995.

33 p. (EMBRAPA - CNPF. Documentos, 25)

1. *Ilex paraguariensis* - Melhoramento genético. 2. Erva-mate. I. Sturion, José Alfredo. II. Mendes, Silvino. III. Título. IV. Série.

CDD 633.77

© EMBRAPA 1995

SUMÁRIO

	Página
1. INTRODUÇÃO	01
2. SITUAÇÃO ATUAL E PERSPECTIVAS DA GENÉTICA E MELHORAMENTO DA ERVA-MATE	01
3. RECURSOS GENÉTICOS E BANÇOS DE GERMOPLASMA DA ERVA-MATE	02
3.1. Origens e variabilidade genética	02
3.2. Coleções de germoplasma: amostragem, preservação e conservação	03
4. ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO E MÉTODOS DE SELEÇÃO	05
4.1. Biologia floral e sistema reprodutivo	05
4.2. Caracteres de interesse econômico	06
4.3. Germoplasma base para seleção	06
4.4. Controle genético de caracteres e parâmetros genéticos populacionais (herdabilidade, repetibilidade, correlação genética)	07
4.5. Esquema geral de um programa de melhoramento genético	10
4.6. Eficiência na seleção e acurácia	11
4.7. Interação genótipo x ambiente, estabilidade, adaptabilidade e zonas de melhoramento	12
4.8. Avaliação de materiais genéticos	13
4.8.1. População-base para seleção	13
4.8.2. Testes clonais	14
4.8.3. Seleção de parentais (Pomar de Sementes Testado)	15
4.9. Seleção para população de produção de sementes e de melhoramento	16
4.9.1. Seleção a partir de povoamentos e populações naturais	16
4.9.2. Seleção a partir de testes de progênes	17
4.10. Seleção de parentais	19
4.11. Seleção clonal	19
4.11.1. Seleção clonal com base na repetibilidade individual	19
4.11.2. Seleção a partir de testes clonais	20
4.12. Eficiências relativas dos métodos de seleção	20
4.13. Cruzamentos para a geração de novas progênes	22
4.14. Hibridação	22
5. PRODUÇÃO DE PROPÁGULOS MELHORADOS	22
5.1. Áreas de coleta de sementes	22

5.2. Áreas de produção de sementes	23
5.3. Pomares de sementes clonais	23
5.4. Pomares de sementes biparentais ou biclonais	23
5.5. Testes de progênes e seleção de parentais	23
5.6. Jardins clonais e plantios clonais	24
5.7. Comparações entre os métodos de produção de propágulos melhorados	24
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	25
ANEXOS	29
FIGURA 1. Teste de progênie de meios-irmãos de erva-mate	
FIGURA 2. Variabilidade fenotípica entre e dentro de progênes de meios-irmãos de erva-mate.	
FIGURA 3. Variabilidade fenotípica entre progênes de meios-irmãos de erva-mate.	
FIGURA 4. Variabilidade fenotípica entre progênes de meios-irmãos de erva mate.	
FIGURA 5. Progênie de meios-irmãos de erva-mate selecionada para produção de massa foliar	
FIGURA 6. Árvore selecionada para produção de massa foliar dentro de progênie de meios-irmãos de erva-mate.	
FIGURA 7. Plantio de erva-mate na região de Cascavel, PR.	
FIGURA 8. Erva-mate nativa. Colombo, PR.	
FIGURA 9. Erval nativo e pastagem, após corte seletivo em floresta natural com <i>Araucana angustifolia</i> Colombo, PR.	
FIGURA 10. Erval nativo e pastagem, após corte seletivo em floresta natural. Colombo. PR.	

GENÉTICA E MELHORAMENTO DA ERVA-MATE (*Ilex paraguariensis* St. Hil.)

Marcos Deon Vilela de Resende*
José Alfredo Sturion**
Silvino Mendes***

1. INTRODUÇÃO

A erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) é uma espécie de grande importância social, econômica e ambiental para a Região Sul do Brasil. Porém, nas duas últimas décadas a sua produção por habitante diminuiu, em consequência do crescimento demográfico e da derrubada de grandes áreas de ervais nativos (MAZUCHOWSKY & RÜKER, 1993).

A baixa oferta de matéria-prima tem conduzido, recentemente, a uma alta taxa de plantios, estimando-se que cerca de 15 milhões de mudas são plantadas anualmente, na Região Sul (CARPANEZZI et al., 1988). Os povoamentos têm apresentado baixa produtividade, devido, em parte, às baixas qualidades genética e fisiológica das sementes (STURION, 1988; ZANON, 1988), em decorrência da escassez de estudos de genética e de programas práticos de melhoramento da erva-mate no Brasil.

Nos ervais plantados, a tecnificação do tratamento do ambiente, através do preparo de solo, adubação, cobertura verde, entre outras, é uma tendência clara, nos últimos anos. Os investimentos realizados com este fim reforçam a conveniência de que a situação do melhoramento genético da erva-mate deve ser revertida o mais rápido possível. O compromisso inicial nesse processo deve advir de instituições oficiais de pesquisa e ensino, através da divulgação de métodos e técnicas adequadas de melhoramento.

Neste contexto, é relevante salientar que um único programa de melhoramento, conduzido por uma única instituição, jamais será suficiente para atender satisfatoriamente a toda região de plantio. Isto ocorre, principalmente devido à presença do fenômeno denominado interação genótipo x ambiente, o qual denota que determinados indivíduos, superiores em um determinado ambiente, não o serão, necessariamente, em outros. Assim, programas de melhoramento, de maneira geral, devem ser conduzidos preferencialmente nos próprios locais de plantio. Torna-se, então, extremamente importante o trabalho de conscientização de produtores e ervateiras, no sentido da adoção de medidas efetivas de melhoramento genético de seus germoplasmas.

O presente trabalho tem como objetivos: diagnosticar a situação atual do melhoramento genético da erva-mate no Brasil; apresentar estratégias de melhoramento para a espécie; gerar subsídios para a implementação de programas simples e eficientes de melhoramento e produção de propágulos melhorados, por parte de produtores e ervateiras.

2. SITUAÇÃO ATUAL E PERSPECTIVAS DA GENÉTICA E MELHORAMENTO DA ERVA-MATE

Estudos básicos de genética, visando o conhecimento da biologia do gênero *Ilex*, têm sido conduzidos na Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Estes estudos objetivam: conhecimentos sobre embriogênese e evolução de espécies neotropicais de *Ilex* (ASSMANN et al., 1992; REVERES & WINGE, 1991; 1992); quantificação da variabilidade isoenzimática em populações naturais de *Ilex paraguariensis* (WOLLHEIM & WINGE, 1991); estudo de padrões de fluxo gênico intra e interpopulacionais (WOLLHEIM & WINGE, 1992). Tais estudos têm importância capital no conhecimento de padrões de variabilidade genética entre e dentro de populações e espécies e, conseqüentemente, no estabelecimento de estratégias ideais de conservação genética e de formação de bancos de germoplasma.

* Eng. Agrônomo, M.Sc., CREA-PR nº 50.602/D, Pesquisador da EMBRAPA-Centro Nacional de Pesquisa de Florestas

** Eng. Florestal, Dr. CREA-PR nº 47.263, Pesquisador da EMBRAPA-Centro Nacional de Pesquisa de Florestas

*** Técnico Florestal, CREA-PR nº 2857/TD, Técnico da EMBRAPA-Centro Nacional de Pesquisa de Florestas

Quanto aos trabalhos de melhoramento genético propriamente dito, no Brasil eles são ainda mais escassos, sendo raros os relatos em literatura. Devem ser mencionados os programas desenvolvidos: 1) pela EMBRAPA/CNPFFlorestas, envolvendo a seleção de procedências, progênies, indivíduos e clones (RESENDE et al., 1993), programa esse iniciado em 1988 (CARPANEZZI, 1988) e 2) pela EPAGRI, envolvendo a seleção de procedências (CROCE & FLOSS, 1991) e seleção de indivíduos dentro de procedências (CROCE et al., 1994). Quanto aos aspectos metodológicos, MAZUCHOWSKY (1989) relata a importância de se realizar testes de progênies, e RESENDE & SILVA (1991) propõem uma estratégia de melhoramento simples, adequada à situação de pequenos produtores.

Analisando-se os materiais genéticos utilizados nos plantios comerciais, verifica-se que o problema se agrava ainda mais. Em geral, o material genético utilizado constitui-se basicamente de sementes colhidas, sem seleção, de árvores nativas e povoamentos implantados.

Na Argentina, o melhoramento genético da espécie foi iniciado por volta de 1974 (PRAT KRICUN, 1985). O método adotado foi a seleção fenotípica de clones para os caracteres produção de massa, densidade e distribuição da folhagem, resistência a pragas, doenças e fatores climáticos adversos. Em 1983, foram selecionados 65 clones, oito dos quais participaram de um teste clonal a ser instalado em 1984 (PRAT KRICUN, 1985). Juntamente com esses oito clones, foram avaliadas progênies de polinização livre dos mesmos clones, em ensaio comparativo de produtividade, sendo os resultados apresentados por BELINGHERI & PRAT KRICUN (1992a). A existência de três cultivares (Kaainta, Raido Inta e Barbaquá Inta) com excelente potencial produtivo é relatada por FRANCO (1992). Portanto, o programa de melhoramento genético para a erva-mate, desenvolvido nesse país, encontra-se mais avançado, em relação ao Brasil, com cultivares testados e recomendados para plantio. Entretanto, o avanço atingido pelos argentinos pode não favorecer o Brasil, uma vez que os cultivares lançados foram selecionados e desenvolvidos especificamente para as condições ambientais daquele país.

No Brasil, CROCE et al. (1994) relatam a implantação de uma área de produção de sementes a partir de um teste de procedências e STURION et al. (1994) relatam procedimentos para o desenvolvimento de um cultivar biparental a partir da seleção da melhor fêmea e melhor macho de um teste de progênies conduzido em Colombo, PR. Neste último caso, a seleção baseou-se em estimativas de valores genéticos para produção de massa foliar, entretanto, sementes melhoradas não estão ainda disponíveis. De maneira geral, subsídios técnicos para o delineamento de estratégias eficientes de melhoramento não têm sido gerados. Não existem, portanto, informações publicadas sobre o controle genético dos principais caracteres de interesse econômico e silvicultural da erva-mate. A geração dessas informações torna-se, então, prioritária no estágio atual do melhoramento da espécie.

3. RECURSOS GENÉTICOS E BANCOS DE GERMOPLASMA DA ERVA-MATE

3.1. ORIGENS E VARIABILIDADE GENÉTICA

A área de distribuição natural de *Ilex paraguariensis* é bastante ampla, ocupando 5% do território nacional (considerando apenas a ocorrência em território brasileiro) e 3% da América do Sul (considerando também a ocorrência em territórios argentino e paraguaio) (OLIVEIRA & ROTTA, 1985). Esses autores fornecem uma relação de 235 municípios brasileiros com ocorrência de erva-mate, sendo 90 em Santa Catarina, 65 no Paraná, 63 no Rio Grande do Sul e 17 no Mato Grosso do Sul. Assumindo o número de populações como sendo igual ao número de municípios, poder-se-ia dizer que, apenas do material existente no Brasil, haveria ao menos 235 populações ou procedências diferentes. Populações adicionais decorrem da existência, menos conhecida, da erva-mate em outros pontos das Regiões Sudeste e Centro-Oeste. Assim, supõe-se que o germoplasma de erva-mate deve ter grande variabilidade genética, em função da amplitude da área de distribuição da espécie.

Tem sido observada, visualmente, grande variabilidade fenotípica em populações de erva-mate, principalmente quanto às características cor do talo (pecíolo) da folha (roxo, branco ou amarelo), tamanho de folha (pequenas, grandes), pilosidade das folhas (com pelos, sem pelos) e susceptibilidade à queda-de-folhas. Técnicos e produtores envolvidos com a silvicultura da espécie têm-se referido a esta variabilidade com o termo "**variedades**" de erva-mate.

Cabe aqui, um esclarecimento quanto aos conceitos genético-evolutivos dos termos espécie, população, raça e variedade taxonômica. “Espécie” refere-se a conjunto de indivíduos capazes de se reproduzirem por cruzamento, deixando descendentes férteis. Está implícito na definição que indivíduos pertencentes a diferentes espécies não se cruzam, ou cruzam-se sem sucesso reprodutivo. “População” refere-se a um grupo de indivíduos que trocam genes entre si e, portanto, compartilham de um conjunto gênico comum.

Por sua vez, “raça” diz respeito a uma população reprodutiva local, que exhibe características diferenciadas de outras populações da espécie e, normalmente, estas características são fixadas. Já uma “variedade taxonômica” refere-se a uma subdivisão de uma espécie que apresenta características morfológicas e distribuição geográfica distintas daquelas observadas normalmente para a espécie. Portanto, está implícito que variedades taxonômicas referem-se às populações isoladas, que estão se diferenciando por não trocarem genes com outras populações da espécie. Uma variedade taxonômica pode ser definida, então, como um estágio avançado de raça, que já merece uma nomenclatura botânica diferenciada.

No caso da erva-mate pode-se concluir, analisando plantios e exemplares nativos, que provavelmente não existem variedades quanto à cor do talo e ao tamanho das folhas, mas sim que existe uma grande segregação para estas duas características. Assim, em uma população geralmente são observadas gradações entre os diferentes tamanhos de folhas e cores do talo. Esta variação faz parte da variabilidade genética intrapopulacional natural da espécie, mesmo porque parece não haver barreiras impedindo o fluxo gênico entre indivíduos dos diferentes tipos. Estes relatos concordam com a abordagem realizada por MATTOS (1983).

Por outro lado, além da variedade típica *Ilex paraguariensis*, são relatadas em literatura mais duas variedades botânicas (CARVALHO, 1994): a) *Ilex paraguariensis* var. *vestita*, conhecida popularmente como erva-mate peluda, com ocorrência em Minas Gerais, Paraná e São Paulo; b) *Ilex paraguariensis* var. *sincorensis*, com ocorrência na Serra de Sincorá, na Bahia, a 1 500 m de altitude.

Diferenciações fenéticas ou seja, morfológicas, existem em cada população (procedência e/ou origem) de erva-mate, e devem ser adequadamente utilizadas em benefício da conservação e melhoramento genético.

3.2. COLEÇÕES DE GERMOPLASMA: AMOSTRAGEM, PRESERVAÇÃO E CONSERVAÇÃO

Tendo em vista o extrativismo associado à exploração econômica, programas de conservação dos recursos genéticos são prioritários, como única forma de se evitar, no futuro, um colapso na cultura da erva-mate. Neste sentido, é importante salientar que toda silvicultura é dependente da utilização adequada dos recursos genéticos, e portanto, a degradação do germoplasma ou erosão genética pode conduzir à consequências drásticas.

Ações de conservação genética devem ser fundamentadas em sólidos princípios de genética de populações. Esse ramo da ciência fornece os subsídios técnicos necessários ao estudo da variabilidade genética natural da espécie e sua distribuição “entre” e “dentro” de populações contribuindo consequentemente, para o delineamento de eficientes metodologias e estratégias de amostragem de germoplasma, com vistas à conservação e utilização.

A amostragem em populações naturais e em bancos de germoplasma, com vistas à conservação genética “ex situ” e/ou utilização em programas de melhoramento, deve fundamentar-se no conceito de tamanho efetivo populacional (N_e). Este conceito está relacionado à representatividade genética de amostras de plantas e sementes, e indica tamanho genético, e não físico. Com base neste conceito, torna-se possível dimensionar e especificar o tamanho de amostras, em termos de número de matrizes (que originarão as progênes) e número de indivíduos (sementes) por matriz, de forma a se obter determinado nível de variabilidade genética nas amostras.

RESENDE & VENCOVŠKY (1990) relatam que um número mínimo de 20 matrizes, com

100 indivíduos por matriz, é adequado para representar uma população alógama monóica. Com uma amostragem desta magnitude ($N_e \approx 80$), alelos com frequência $\geq 5\%$ são retidos na amostra e, portanto, apenas os alelos raros não são retidos. Um maior número de matrizes ou progênies é necessário para a retenção de alelos mais raros. É importante salientar que não é compensador trabalhar com número de indivíduos superior a 100, sendo, nesse caso, recomendável trabalhar com maior número de matrizes, mantendo fixo o número de indivíduos por matriz (VENCOVSKY, 1986). Especificamente no caso da erva-mate, que é uma espécie dióica, a expressão geral para determinação do tamanho efetivo (N_e) equivale a: $N_e = 4N_f N_m / (N_f + N_m)$ onde, N_f e N_m referem-se ao número de fêmeas e número de machos amostrados, respectivamente. Em condições naturais, o número de machos, que participam da polinização, amostrados por ocasião da coleta de sementes é desconhecido. Entretanto, pode-se inferir que esse número é alto e, com N_m tendendo ao infinito (∞), N_e tem como limite $4N_f$ ou seja, quatro vezes o número de matrizes. Por outro lado, sabe-se que o número potencial de machos que participam de uma amostragem depende do número de indivíduos ou sementes obtidos de cada matriz.

Sendo n o número de indivíduos obtidos de cada matriz, pode-se considerar que o número máximo de machos amostrados quando se amostra uma matriz é n . Isto ocorre se considerarmos que, em uma grande população natural, a probabilidade de que um mesmo macho forneça mais de um gameta para uma mesma fêmea, é muito pequena. Considerando o que foi dito, e o fato de que, em cada matriz, a polinização ocorre de maneira aleatória, com mistura de pólen da população, o seguinte estimador para N_e pode ser enunciado:

$$N_e = 4N_f N_f n / (N_f + N_f n)$$

Quando se deseja realizar amostragem em plantações, um outro desdobramento da expressão geral do N_e deve ser utilizado, conforme proposto por VENCOVSKY (1978) e utilizado por HIGA et al. (1992).

Com base em estimativas do N_e , pode-se inferir a respeito da amostragem alélica realizada na população e da endogamia potencial das subpopulações, devido ao cruzamento entre indivíduos aparentados. Com base em um teste de procedência e progênie de erva-mate conduzido pela EMBRAPA/CNPFloréstas, com cinco plantas por parcela e seis repetições, vários parâmetros associados às amostragens são apresentados na Tabela 1.

TABELA 1. Amostragem genética em populações de erva-mate.

PROCEDÊNCIA	P	N_e	F.A.R.	E (%)	% N_e max.
Campo Mourão -PR	8	31	0,08	1,6	96,9
Cascavel-PR	8	31	0,08	1,6	96,9
Soledade-RS	5	19	0,10	2,6	95,0
Toledo-PR	15	58	0,06	0,86	96,7

* P = número de matrizes; N_e = tamanho efetivo; F.A.R. = frequência mínima dos alelos retidos. E = endogamia potencial; % N_e max. = relação entre N_e obtido com 30 plantas/família e N_e obtido com 1 planta por família, em percentagem.

Com base nos valores mínimos das frequências dos alelos retidos, indicados na Tabela 1, observa-se que, em todas as procedências, a amostragem realizada não conseguiu capturar alelos muito raros. A amostragem mostrou-se próxima da adequada apenas para a procedência Toledo-PR. O número de plantas por progênie foi adequado, pois permitiu atingir acima de 95% do N_e , que seria atingido se fossem plantados infinitos indivíduos por progênie. A melhoria do nível de amostragem deve advir, então, do aumento do número de matrizes e não do número de indivíduos por família. Quanto à endogamia, a curto prazo os níveis serão baixos, com exceção da procedência Soledade-RS.

Haverá cruzamento, entretanto, entre indivíduos de diferentes procedências, fato este que contribuirá para o aumento da base genética e, conseqüentemente, para a redução dos níveis de endogamia. Assim, a reunião de diferentes populações em uma população composta é desejável, em termos de tamanho efetivo. E nessa reunião, conforme RESENDE & VENCOVSKY (1990), o tamanho efetivo é maximizado quando se tomam quantidades de sementes ou de indivíduos de cada população, proporci-

onais ao respectivo tamanho efetivo de cada população.

Adicionalmente à conservação em bancos de germoplasma, a conservação ou preservação "in situ" também é extremamente importante para a erva-mate. A preservação "in situ" tem a vantagem de preservar integralmente o "pool" gênico das populações, e permite que as populações sigam o seu curso normal de evolução orgânica. Na conservação "in situ", apenas a abordagem quantitativa, em termos de tamanho efetivo, não é suficiente; é desejável conhecer profundamente a espécie, em termos biológicos, suas peculiaridades e interrelações com outras espécies de plantas e animais, e com o ecossistema de maneira geral.

Finalmente, é importante relatar que, devido ao grau elevado de extrativismo associado à erva-mate, muitas populações naturais foram transformadas em fragmentos de população, onde muitos indivíduos morreram por ação do homem. Dessa forma, a amostragem em populações propriamente ditas e a conservação "in situ" deverão ser praticadas, principalmente, em áreas de preservação, como parques e reservas florestais.

4. ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO E MÉTODOS DE SELEÇÃO

4.1. BIOLOGIA FLORAL E SISTEMA REPRODUTIVO

O conhecimento da biologia floral e do sistema reprodutivo é básico para o delineamento de estratégias eficientes de conservação genética e de melhoramento de qualquer espécie, pois está relacionado ao modo como os genes são repassados de parentais para descendentes. A espécie *Ilex paraguariensis* é dióica, apresentando flores díclinas com um dos sexos abortivo e polinização entomófila (FERREIRA et al., 1983). As proporções de sexo relatadas em literatura são: sete plantas masculinas para cinco femininas, obtidas a partir da análise de 1.290 plantas (FERREIRA et al., 1983) e uma planta feminina para uma masculina, com base na análise de quinze populações (FLOSS, 1994).

Na Tabela 2, são apresentados resultados da proporção de sexo em três procedências de erva-mate, conforme STURION et al. (1994).

TABELA 2. Proporção de sexo em erva-mate, em três procedências avaliadas em Colombo-PR (total de 427 plantas analisadas).

PROCEDÊNCIA	PROPORÇÃO DE SEXO.	
	Macho	Fêmea
Campo Mourão-PR	8	5
Cascavel-PR	6	5
Toledo-PR	9	5
Procedências em conjunto	8	5

Observa-se que o valor médio encontrado é bastante próximo ao obtido por FERREIRA et al. (1983), porém difere daquele obtido por FLOSS (1994). Segundo FERREIRA et al. (1983), a idade do erval poderia influir na proporção do sexo, à semelhança do que ocorre com *Ilex opaca*. Nesta espécie, as plantas masculinas florescem antes que as femininas, ocorrendo equilíbrio na proporção de sexo apenas aos nove anos de idade (CLARK & ORTON, 1967).

A proporção de sexo verificada naturalmente na espécie apresenta grande utilidade na conservação genética "in situ", pois indica o número de machos e fêmeas que devem existir em uma determinada área, escolhida para propósitos conservacionistas. É desejável que uma população para conservação "in situ" mantenha os seus potenciais de evolução e por isso, sua estrutura e da comunidade não devem ser alteradas.

Na produção de sementes melhoradas de erva-mate, a proporção natural de sexo não indica necessariamente que, para uma polinização adequada, seja necessário manter nos pomares um maior número de machos. ZANON (1988) recomenda a proporção de um macho para três fêmeas, para a produção de sementes. Esta proporção, aparentemente fixada sem bases experimentais, é maior que a recomendada para a maioria das espécies frutíferas comerciais dióicas. Estudos a este respeito são necessários.

A dioícia é extremamente favorável ao melhoramento genético, pois permite que altas intensidades de seleção sejam praticadas. No caso da erva-mate, a dioícia é ainda mais vantajosa, pois a espécie apresenta, também, possibilidades de propagação vegetativa. Este fato permite que altas intensidades de seleção sejam praticadas, tanto do lado feminino quanto do masculino. Assim, de uma população podem ser selecionadas apenas a melhor fêmea e o melhor macho, os quais devem ser multiplicados vegetativamente e estabelecidos em pomares de sementes, para produzir cultivar biparenteral ou biclonal.

4.2. CARACTERES DE INTERESSE ECONÔMICO

Para início de um programa de melhoramento genético, uma questão básica é a definição do objetivo da seleção. Assim, deve-se ter em mente quais caracteres necessitam ser melhorados.

Freqüentemente, o melhorista está interessado em melhorar uma série de características. No caso da erva-mate, certamente há interesse em aumentar a produtividade de massa foliar e selecionar para resistência às pragas e doenças e para outros caracteres relacionados à qualidade dos produtos de consumo (chá, chimarrão, refresco, etc). Porém, o melhoramento de todos esses caracteres, simultaneamente, é bastante trabalhoso e oneroso, e deverá resultar, via de regra, em pequenos ganhos genéticos para cada caracter. Neste sentido, é importante relatar que, quando n caracteres independentes são selecionados simultaneamente, o progresso genético em cada um deles corresponde a apenas daquilo que seria obtido, caso fosse considerado cada caráter individualmente. Assim, é fundamental priorizar os caracteres por ordem de importância e, inicialmente, concentrar esforços em um ou poucos, trabalhando com os demais em fases posteriores. Em erva-mate, a necessidade de aumento da produtividade de massa foliar é iminente. Dessa forma, é oportuno iniciar o melhoramento considerando este caráter. Logicamente, ligado ao caráter produtividade, está o caráter adaptação, o qual será melhorado concomitantemente.

4.3. GERMOPLASMA BASE PARA SELEÇÃO

De maneira geral, a preocupação inicial em um programa de melhoramento é referente ao germoplasma a ser utilizado e, posteriormente, trabalha-se na escolha de métodos alternativos de seleção que promovam, de forma eficiente e rápida, algum grau de melhoramento genético.

Uma vez que o objetivo do melhoramento é o aumento contínuo da expressão dos caracteres de interesse, depreende-se que o melhorista necessita trabalhar com germoplasmas-base com média alta e variabilidade genética ampla.

Em espécies florestais arbóreas alógamas temperadas (BOYLE & YEH, 1987) e tropicais (DIAS & KAGEYAMA, 1991), tem-se verificado que a distribuição da variabilidade genética total das espécies é maior dentro das populações do que entre as populações (HAMRICK & LOVELESS, 1986). Conforme relatado por BOYLE & YEH (1987), a partir de estudos com isoenzimas, existe uma clara evidência de que, em espécies arbóreas temperadas, mais de 90% da variação total das espécies ocorre dentro de populações. Assim, pode-se inferir que, quanto à variabilidade genética, o ideal seria o melhorista trabalhar com um reduzido número de populações, porém, com um grande número de matrizes.

Por outro lado, quanto ao fator média populacional, torna-se imperativo o teste de procedências, de forma que o melhorista possa partir de média já sabidamente alta. Neste aspecto, CROCE & FLOSS (1991) não encontraram muita diferenciação entre procedências de erva-mate, pois dentre as 16 procedências testadas em dois locais, 10 mantiveram-se estatisticamente iguais. Tendo em vista a ampla área de distribuição natural da espécie e a impossibilidade de testar um número muito grande de procedências, recomenda-se avaliar procedências que se distribuem ao longo da área para a qual o programa de melhoramento objetiva gerar material melhorado.

Esta estratégia de concentrar esforços em populações locais parece bastante adequada do ponto de vista evolutivo e da seleção natural pois, estes materiais, provavelmente, se adaptem mais à região de origem. A amostragem dentro das populações escolhidas como germoplasma-base deve seguir os procedimentos relatados no item 3.2.

4.4. CONTROLE GENÉTICO DE CARACTERES E PARÂMETROS GENÉTICOS POPULACIONAIS (HERDABILIDADE, REPETIBILIDADE, CORRELAÇÃO GENÉTICA)

O delineamento de estratégias eficientes de melhoramento depende, fundamentalmente, do conhecimento do controle genético dos caracteres a serem melhorados. Entende-se por controle genético, ou base genética de um caráter, todos os mecanismos genéticos responsáveis pela herança do caráter, tais como número de genes que o governam, ações e efeitos gênicos, herdabilidade, repetibilidade e associações genéticas com outros caracteres.

Dentre estes fatores os parâmetros genéticos populacionais denominados herdabilidade, repetibilidade e correlação genética entre caracteres são de particular importância para o melhoramento. A herdabilidade diz respeito à proporção relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica dos caracteres e indica, portanto, o grau de facilidade ou dificuldade de se melhorar determinados caracteres. Caracteres com herdabilidade baixa demandarão métodos de seleção mais elaborados do que caracteres com herdabilidade alta.

O parâmetro correlação genética entre caracteres denota o grau de associação genética entre os caracteres, ou seja, quantifica as influências que determinados caracteres exercem sobre outros caracteres. Este parâmetro é muito importante em melhoramento genético pois significa que, com correlação genética alta, a alteração em um caráter, via seleção, promove alterações significativas em outros caracteres correlacionados.

Outro parâmetro extremamente importante para a erva-mate é o coeficiente de repetibilidade. Este coeficiente mede a capacidade dos organismos em repetir a expressão do caráter, ao longo de vários períodos de tempo, no decorrer da sua vida. Do ponto de vista prático, sua maior importância é permitir a determinação do número de safras necessárias para avaliar, com precisão, o valor genotípico dos indivíduos. Considerações detalhadas a respeito da estimação dos parâmetros correlação genética e herdabilidade são fornecidas por KAGEYAMA & VENCOSKY (1983), RESENDE (1991) e VENCOSKY & BARRIGA (1992). Informações sobre repetibilidade poderão ser encontradas no trabalho de RESENDE & SILVA (1991), que aborda o tema enfocando especificamente o melhoramento da erva-mate.

Atualmente, existem poucas informações sobre o controle genético de caracteres em erva-mate.

Na Tabela 3 são apresentadas estimativas de repetibilidade para o caráter produção de massa verde em erva-mate, a partir da análise de dois grupos de dados.

TABELA 3. Estimativas de repetibilidade para o caráter produção de massa foliar em erva-mate. r_{12} = repetibilidade estimada a partir dos dados da primeira e segunda medições; r = repetibilidade estimada a partir de todas as medições; R^2 = determinação conseguida com o número de medições realizada.

Estudo nº 1*	Estudo nº 2**
r_{12} 0,79	r_{12} 0,97
r_{13} 0,84	r_{13} 0,87
r_{23} 0,71	r_{14} 0,84
r 0,72	r_{15} 0,90
R^2 0,88	r_{23} 0,94
	r_{24} 0,91
	r_{25} 0,92
	r_{34} 0,97
	r_{35} 0,92
	r_{45} 0,91
	r 0,89
	R^2 0,98

* Dados médios de 17 parcelas com cinco plantas e três medições anuais. Dados cedidos pela Empresa Giacommet-Marodin, Quedas do Iguaçu, PR.

** Dados médios da avaliação de 15 materiais genéticos (clones e progênies de polinização aberta), em cinco repetições e cinco medições anuais. Dados originais apresentados por BELINGHERI & PRAT KRICUN (1992a).

Os valores dos coeficientes de repetibilidade (Tabela 3) foram bastante altos, equivalendo-se no estudo 1 a 0,72, para médias de parcela, e no estudo 2, a 0,89, para médias de materiais genéticos (clones e progênies de polinização aberta). É importante ressaltar que os coeficientes foram estimados para médias de observações e não para indivíduo. Assim, as inferências apresentadas a seguir, sobre o número de medições necessárias para selecionar com precisão, referem-se apenas à seleção de famílias ou de clones com base na média de vários propágulos pertencentes a essas entidades (clones e famílias). Para a seleção de indivíduos, novas estimativas de repetibilidade são necessárias. Com base nas estimativas de repetibilidade (Tabela 3), o número de medições (n) necessárias para selecionar materiais genéticos, com uma dada precisão ou determinação R^2 , pode ser obtido através da expressão indicada por BRIQUET JÚNIOR (1967):

$$R^2 = \frac{nr}{1 + (n-1)r}, \text{ a qual rearranjada fornece } n = \frac{R^2(1-r)}{r(1-R^2)}$$

O parâmetro R^2 está associado ao grau de correlação entre o valor genético real do indivíduo e o valor fenotípico médio de n medições.

Com base na expressão de n, verifica-se que, para a seleção de materiais genéticos com 90% de precisão seriam necessárias 4 e 2 medições, nos estudos 1 e 2, respectivamente. Do ponto de vista prático, torna-se necessário estimar a repetibilidade para cada população e ambiente, pois a mesma varia com as propriedades genéticas das populações e com os ambientes em que as populações são avaliadas. Entretanto, de maneira geral, a realização de mais de uma medida (safra) é recomendável, mesmo para valores altos de repetibilidade, como os apresentados neste trabalho.

O nível adequado de precisão ou determinação a ser adotado depende da finalidade da seleção. Seleção de clones objetivando plantios clonais e seleção de indivíduos para estabelecimento de pomares de sementes ou pomares biparentais demandam precisão próxima de 100%. Isto decorre de que, nesses casos, um número muito pequeno de indivíduos (ou apenas o melhor) é selecionado, de forma que a seleção com determinação diferente do máximo pode conduzir à seleção do material genético errado.

Por outro lado, quando um grupo maior de indivíduos é selecionado (por exemplo, para compor uma população de melhoramento), uma determinação acima de 80% já é adequada. A determinação com essa magnitude implica numa troca na ordem dos melhores de uma safra para outra, mas o grupo dos melhores não deverá ser alterado significativamente.

Na Tabela 4, são apresentados os números de medições necessárias para selecionar, com segurança, materiais genéticos para populações de melhoramento (precisão de 80%) e para população de produção de propágulos melhorados (precisão de 95%).

TABELA 4. Números de medições (safras) necessárias para a seleção de materiais genéticos para população de melhoramento (determinação de 80%) e para populações de produção de propágulos melhorados (determinação de 95%), considerando diferentes valores de repetibilidade.

Repetibilidade (%)	Número de safras (determinação de 80%)	Número de safras (determinação de 95%)
10	36	171
20	16	76
30	9	44
40	6	29
50	4	19
60	3	13
70	2	8
80	1	5
90	1	2

Os dados da Tabela 4 corroboram a necessidade de se conhecer o parâmetro repetibilidade para produção de massa foliar. O número de safras necessárias para selecionar, com precisão, varia de

1 a 36 para populações de melhoramento, e de 2 a 171 para populações de produção, para repetibilidades variando de 90% a 10%, respectivamente.

Entretanto, para uma definição do número de medições mais adequado, deve-se computar o ganho genético por unidade de tempo, uma vez que cada safra a mais conduz a um aumento na precisão, porém retarda a seleção, fato este que pode reduzir o ganho genético por ano.

O coeficiente de repetibilidade representa o limite superior dos coeficientes de herdabilidade nos sentidos amplo (associado à propagação clonal) e restrito (associado à propagação por sementes). Pouco pode ser dito em relação aos coeficientes de herdabilidade, quando o coeficiente de repetibilidade é alto. De maneira geral, o coeficiente de herdabilidade, no sentido amplo, é mais próximo do coeficiente de repetibilidade do que o coeficiente de herdabilidade, no sentido restrito (RESENDE & SILVA, 1991). Assim sendo, pode-se inferir, pelos dados de repetibilidade apresentados, que a herdabilidade para seleção de clones com base em médias, visando plantios clonais, é, provavelmente, alta para o caráter produção de massa foliar. A herdabilidade para a seleção de progênies para este caráter equivaleu a 57% (STURION et al., 1995), portanto bastante alta.

Na Tabela 5 são apresentadas as expressões para o coeficiente de repetibilidade e herdabilidade associados às diferentes formas de utilização do material selecionado.

TABELA 5. Expressões* para o coeficiente de repetibilidade (r), herdabilidade imediata para a seleção das melhores plantas e remoção das piores, permanecendo as selecionadas no mesmo ambiente (h^2_i), herdabilidade para seleção das melhores plantas e plantio clonal das mesmas (h^2_c), herdabilidade para a seleção das melhores plantas e plantio de seus descendentes (h^2_s).

r	h^2_i	h^2_c	h^2_s
$\frac{\sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_{ep}}{\sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_{ep} + \sigma^2_{et}/m}$	$\frac{\sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_{ep}}{\sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_{ep} + \sigma^2_{et}/m}$	$\frac{\sigma^2_A + \sigma^2_D}{\sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_{ep} + \sigma^2_{et}/m}$	$\frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_{ep} + \sigma^2_{et}/m}$

* Seleção a nível de médias de safras.

σ^2_A = variância genética aditiva; σ^2_D = variância genética dominante; σ^2_{ep} = variância ambiental permanente; σ^2_{et} = variância ambiental temporária.

Analisando-se a Tabela 5, verifica-se que a repetibilidade é muito mais útil quando a estratégia é apenas eliminar as piores árvores de um plantio, ou selecionar indivíduos visando estabelecer plantios clonais.

Na Tabela 6 são apresentadas as estimativas de herdabilidade para alguns caracteres de crescimento e enraizamento de estacas de erva-mate, obtidas a partir de experimentos conduzidos no CNPFlorestas/EMBRAPA.

TABELA 6. Estimativas de herdabilidade, a nível de indivíduo, para alguns caracteres de crescimento e enraizamento de estacas de erva-mate.

Caracteres	Herdabilidade no sentido restrito (%)	Herdabilidade no sentido amplo (%)
Altura total*	3,92	-
Altura da copa*	5,23	-
Diâmetro médio-parte inferior da copa*	2,00	-
Volume da copa*	7,11	-
Massa foliar*	19,32	-
Enraizamento de estacas** (procedência Soledade)	2,58	24,32
Enraizamento de estacas** (procedência Campo Mourão)	5,85	27,51
Enraizamento de estacas (procedência Toledo)	24,80	28,60

* Fonte: STURION et al (1995).

** Fonte: CORREA (1994).

De maneira geral constata-se que a herdabilidade no sentido restrito, a nível de indivíduo, é baixa para todos os caracteres analisados. Isto indica que estes caracteres, provavelmente, apresentam base genética complexa, típica de caracteres quantitativos. O caráter massa foliar apresenta herdabilidade em torno de 19%.

O enraizamento de estacas é de grande importância nos programas de melhoramento genético, pois dele depende o sucesso da silvicultura clonal. O coeficiente de herdabilidade mais importante, neste caso, é aquele no sentido amplo, para o qual foi estimado um valor entre 25% a 30%. Este caráter mostra, portanto, controle genético moderado a baixo, apresentando grandes influências ambientais, mas também influências genéticas consideráveis.

Sendo a produção de massa foliar e o enraizamento de estacas dois importantes caracteres em erva-mate, é importante conhecer a natureza da associação genética entre esses dois caracteres. A partir de resultados apresentados por STURION et al. (1995), para produção de massa foliar e por CORRÊA (1995) para enraizamento de estacas na procedência Toledo-PR, foram obtidos coeficientes de correlação fenotípica entre esses dois caracteres. O coeficiente de correlação de Pearson correspondeu a -0,20, o qual é não significativo pelo teste t. O coeficiente de correlação de Spearman, entre as ordens de progênes para os dois caracteres correspondeu a 0,05. Assim, provavelmente, não existe correlação entre produtividade de massa foliar e enraizamento e, portanto, a seleção para um caráter não afetaria o outro. Desta forma, recomenda-se inicialmente a seleção para produção de massa verde e posteriormente a seleção para enraizamento, dentre os indivíduos selecionados para o primeiro caráter.

4.5. ESQUEMA GERAL DE UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO

A Figura 1 apresenta o esquema geral de um programa de melhoramento genético florestal, válido para espécies perenes. Partindo-se de uma população-base ou de uma população experimental, a seleção deve ser implementada em diferentes intensidades, visando a constituição das populações de produção e de melhoramento.

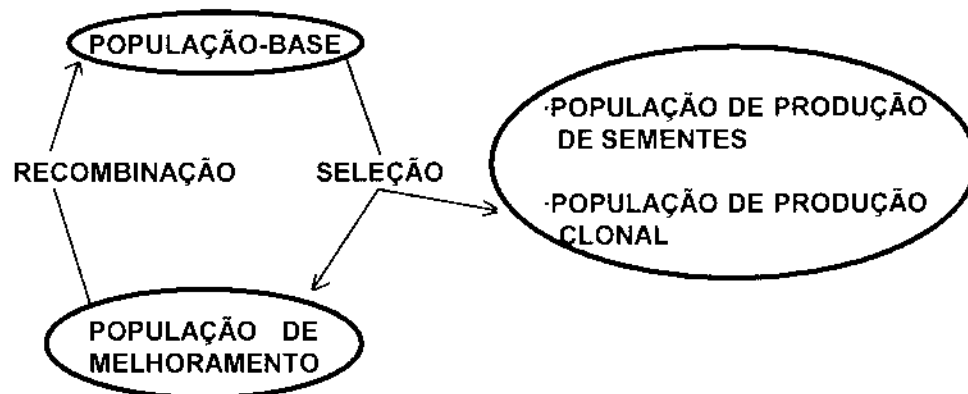


FIGURA 1. Esquema geral de um programa de melhoramento genético florestal (Adaptado de WHITE, 1987).

A população de produção pode ser constituída por pomares de sementes, jardins clonais ou pomares biconais, conforme o interesse do melhorista. Para a constituição desta população, intensidades de seleção mais altas podem ser adotadas, visando explorar ao máximo a variabilidade genética livre e, portanto, capitalizar o progresso genético imediato. A seleção pode ser intensa porque não existem grandes restrições quanto ao número de indivíduos a serem recombinados (no caso de população de produção de sementes), devendo-se considerar contudo a endogamia potencial advinda de possíveis cruzamentos entre indivíduos aparentados. Existem procedimentos que otimizam a seleção para a composição da população de produção, considerando simultaneamente os valores genéticos dos indivíduos candidatos à seleção, o progresso genético, o tamanho efetivo e a endogamia potencial. Estes procedimentos foram descritos por RESENDE & BERTOLUCCI (1995).

Por outro lado, a constituição da população de melhoramento visa o melhoramento genético

a longo prazo, ou seja, o aumento contínuo e progressivo das frequências dos alelos favoráveis, através da implementação de vários ciclos seletivos. O ganho genético a longo prazo depende, fundamentalmente, da variabilidade genética potencial, ou seja, daquela variabilidade que é mantida através dos ciclos seletivos e é liberada através da recombinação, ao final de cada ciclo de seleção. Assim, a questão do estabelecimento das populações de melhoramento deve ser analisada sob o ponto de vista da teoria dos limites seletivos (ROBERTSON, 1960). O caminhar seguro (sem risco de perdas de alelos favoráveis) em direção à obtenção do teto seletivo das populações implica a manutenção de um tamanho efetivo populacional (N_e) compatível. Dessa forma, os ganhos genéticos na população de melhoramento devem ser maximizados para uma condição de restrição no tamanho efetivo populacional.

É importante relatar que o N_e necessário para a obtenção do teto seletivo, de maneira geral, não é de grande magnitude, situando-se na faixa de 30 a 60, conforme alguns estudos realizados (RAWLINGS, 1970; PEREIRA & VENCOSKY, 1988; KANG, 1979). O importante é, por ocasião da seleção, considerar o N_e desejado (RESENDE & BERTOLUCCI, 1995) incluindo, nos programas de seleção genética computadorizada, algoritmos que permitam maximizar o ganho genético para uma condição de N_e restrito (RESENDE et al., 1994b).

Os procedimentos de recombinação estão relacionados à eficiência seletiva de duas maneiras: I) em espécies perenes, geralmente a etapa de recombinação coincide com a obtenção de progênies para avaliação no ciclo subsequente e, como determinados delineamentos de cruzamento propiciam uma seleção mais acurada, esta fase está relacionada à eficiência seletiva no ciclo subsequente; II) em espécies perenes, a recombinação pode ser realizada de maneira desbalanceada, com maior ênfase nos indivíduos com maiores valores genéticos. Assim, além da maximização do ganho com base na utilização de métodos acurados de seleção, ganhos adicionais podem ser conseguidos com a utilização de proporção maior de indivíduos melhores, na população de produção, e com a seleção de cruzamentos na população de melhoramento.

De maneira geral, a obtenção de novas progênies deve ser fundamentada na predição da descendência, utilizando-se as informações dos valores genéticos dos indivíduos selecionados. Dessa forma, poderão ser geradas progênies já sabidamente superiores. Neste sentido, modelos genéticos preditivos e procedimentos de seleção de cruzamentos têm sido desenvolvidos (ALLAIRE, 1980; TORO & SILIO, 1992).

Verifica-se, portanto, que a eficiência dos diferentes programas de melhoramento é função dos diferentes procedimentos de seleção e recombinação. Um terceiro fator, não menos importante, refere-se ao tempo dispendido para se completar um ciclo seletivo.

A eficiência dos programas de melhoramento deve ser medida pelo ganho genético por unidade de tempo. Assim, o intervalo entre gerações (ou seja, o tempo necessário para se completar o ciclo descrito na Figura 1) desempenha relevante papel no melhoramento de espécies perenes, onde seleção precoce deve ser uma meta constante.

4.6. EFICIÊNCIA NA SELEÇÃO E ACURÁCIA

A eficiência de um programa de melhoramento genético é expressa através do ganho genético (G_{ST}) por unidade de tempo (T):

$G_{ST} = d_s h^2 / T$, onde d_s é o diferencial de seleção (média do grupo selecionado menos a média da população) e h^2 é a herdabilidade do caráter (associada à determinado método de seleção). A princípio, pode-se inferir que os métodos de seleção associados às maiores herdabilidades resultam em maior eficiência. Entretanto, os diferenciais de seleção inerentes aos métodos são diferentes e, portanto, não comparáveis.

Torna-se vantajoso, então, definir o ganho pela expressão alternativa:

$$G_{ST} = K \sigma_A r_{iA,i} / T, \text{ onde:}$$

K = diferencial de seleção padronizado, o qual é função da intensidade de seleção ou número de indivíduos selecionados;

σ_A = desvio-padrão genético aditivo, inerente ao germoplasma utilizado;

- $r_{(A,B)}$ = acurácia: parâmetro que equivale à correlação entre o valor genético verdadeiro de um indivíduo e o índice fenotípico utilizado para estimá-lo; a acurácia fornece assim, a precisão associada à seleção e equivale a h (raiz quadrada da herdabilidade), no caso da seleção individual; e
- T = duração do ciclo seletivo ou intervalo entre gerações.

Verifica-se que a eficiência de diferentes procedimentos de seleção pode ser comparada através do parâmetro acurácia e do intervalo entre gerações. O diferencial de seleção padronizado e o desvio-padrão genético são constantes, através dos diferentes procedimentos.

Com base no exposto, torna-se claro que o processo seletivo não deve basear-se apenas na avaliação de caracteres de campo e utilização dos dados gerados. A estes dados fenotípicos devem ser aplicadas funções que os transformam em valores genéticos/genotípicos e, conseqüentemente, permitam maior precisão na seleção.

Existem inúmeras funções (métodos de seleção) que podem ser aplicadas aos dados, visando à estimação de valores genéticos e valores fenotípicos. De maneira geral, a definição do método ideal de seleção baseia-se no conhecimento do objetivo da seleção e do sistema de propagação (vegetativa ou via sementes) que será empregado no estabelecimento do plantio comercial.

A definição do sistema de propagação, por sua vez, condiciona a utilização de conceitos e parâmetros diferenciados na seleção. Para sistemas de propagação via sementes, a seleção deve basear-se nos valores genéticos dos candidatos à seleção, os quais são função apenas dos efeitos gênicos aditivos. Por outro lado, a seleção visando a propagação vegetativa dos indivíduos selecionados deve basear-se nos valores genotípicos dos candidatos à seleção. Os valores genotípicos constituem-se função dos efeitos gênicos aditivos e não aditivos, ou seja, do genótipo integral (RESENDE & HIGA, 1994a). Assim, para a formação de população de produção clonal (Figura 1), a seleção deve basear-se em valores genotípicos, e para a formação de população de produção de sementes e população de melhoramento (Figura 1), deve basear-se em valores genéticos. Estes métodos serão discutidos nos tópicos a seguir.

4.7. INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE, ESTABILIDADE, ADAPTABILIDADE E ZONAS DE MELHORAMENTO

O fenótipo pode ser definido como uma função linear do genótipo, do ambiente e da interação genótipo x ambiente. Assim, em função da interação genótipo x ambiente, depreende-se que determinados materiais genéticos se adaptam diferentemente em ambientes diferentes. Este fato demanda do melhorista ações que conduzam ao ajuste dos materiais genéticos aos diferentes ambientes. Faz-se necessário, então, na recomendação de materiais para plantio, considerar não apenas a produtividade mas, também, a adaptabilidade e estabilidade dos diferentes materiais genéticos.

O termo adaptabilidade é utilizado para designar a capacidade dos materiais genéticos em aproveitar vantajosamente o estímulo ambiental (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992), ou seja, mede a capacidade de resposta dos materiais à melhoria do ambiente. O termo estabilidade caracteriza a capacidade dos genótipos mostrarem um comportamento altamente previsível em função do estímulo ambiental (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992). Entretanto, de maneira geral, considera-se material estável aquele que apresenta pequenas variações no seu comportamento geral, quando desenvolvido sob diversas condições de ambiente.

Nos programas de melhoramento genético, é necessária a instalação de uma rede experimental que consiga amostrar toda a diversidade de ambientes em que a espécie será cultivada. A partir da análise dos dados obtidos nessa rede, pode-se realizar um zoneamento para o plantio dos materiais selecionados, bem como serem estabelecidas zonas de melhoramento. O estudo das zonas de melhoramento permite reduzir o número de locais de experimentação para os ciclos subseqüentes de seleção. O zoneamento é realizado de tal forma que não ocorra interação genótipo x ambiente significativa dentro de cada zona e ocorra interação significativa entre as zonas. Dessa forma, deve ser conduzido um programa de melhoramento para cada zona de melhoramento. O não estabelecimento dessas zonas de melhoramento implica, necessariamente, em seleção baseada nos parâmetros estabilidade e adaptabilidade, como forma de amenizar os efeitos da interação genótipo x ambiente. De maneira geral, a estratégia de

estabelecimento de zonas de melhoramento, desde que bem conduzida, é vantajosa em relação à seleção de materiais estáveis, pois permite capitalizar o efeito da interação genótipo x ambiente. Outro aspecto relevante, em erva-mate, é a possibilidade de estudo da interação genótipos x anos (safras), fato que permite a seleção para a estabilidade temporal.

4.8. AVALIAÇÃO DE MATERIAIS GENÉTICOS

4.8.1. POPULAÇÃO-BASE PARA SELEÇÃO

A população-base para seleção (Figura 1) deve ser estabelecida segundo um delineamento experimental adequado, obedecendo aos princípios fundamentais da experimentação: repetição, casualização e controle local. Como controle local, deve ser enfatizada a homogeneidade dentro de blocos, sendo recomendados os delineamentos em blocos casualizados ou látice. Os experimentos devem contemplar uma população de melhoramento para cada região, delimitada de acordo com suas características de solo, clima e vegetação. O número adequado de materiais genéticos a serem avaliados deve ser determinado em função da eficiência seletiva, a qual depende da acurácia e intensidade de seleção praticada. A acurácia depende da herdabilidade do caráter, do número de repetições e do número de plantas por parcela empregados na experimentação. Por outro lado, a intensidade de seleção é dependente do tamanho da população experimental, ou seja, dos números de plantas por parcela, repetições e famílias avaliadas. Assim, os números adequados de famílias (f), repetições (b) e plantas por parcela (n) podem ser determinados em função da maximização da acurácia e da intensidade de seleção, para cada grau de controle genético (herdabilidade). RESENDE (1995) realizou estudos neste sentido, empregando o método índice multi-efeitos (RESENDE & HIGA, 1994b), obtendo as seguintes conclusões:

- fixando-se um número total (nb) de indivíduos por família, parcelas com um indivíduo e muitas repetições sempre conduzem a uma maior acurácia em relação, às parcelas com vários indivíduos e menos repetições;
- para coeficientes de herdabilidade no sentido restrito, ao nível de indivíduos, maiores ou iguais a 50%, a estimação de valores genéticos pode ser realizada eficientemente sem a utilização de testes de progênie e, conseqüentemente, a acurácia é independente da estrutura experimental e de progênie (Tabela 7);
- em termos de ganho genético (que depende simultaneamente da acurácia e intensidade de seleção), constatou-se que, independentemente da herdabilidade do caráter, não é vantajoso avaliar mais de 20.000 indivíduos nos experimentos. Com coeficientes de herdabilidade maiores que 20%, cerca de 10.000 indivíduos conduzem a eficiências satisfatórias; pouco ganho (menos de 5%) é conseguido com a duplicação do número de indivíduos para 20.000; e
- com um número total de indivíduos fixo, é compensador avaliar menos famílias (não menos que 50) famílias e maior número de indivíduos por família.

TABELA 7. Número (nb)* adequado de indivíduos por progênie na população experimental em função do número (P) de progênie avaliadas, para herdabilidade no sentido restrito entre 15% e 45%. Números adequados à maximização da eficiência seletiva.

P	nb
50	200
100	100
150	70
200	50
250	40
300	35
350	30
400	25

Fonte: RESENDE (1995)

* Número aproximado.

Embora a acurácia seja maximizada com uma planta por parcela, em termos práticos recomenda-se a utilização de 5 ou 6 plantas por parcela, como forma de garantir a sobrevivência em um nível adequado e evitar a perda de parcelas. Assim, o número de blocos é determinado fazendo-se nb/n , com $n = 5$ ou 6 .

Considerando apenas a maximização da acurácia, os números adequados de plantas por progênie, em função da herdabilidade do caráter objetivo da seleção, são apresentados na Tabela 8.

TABELA 8. Número (nb) adequado de indivíduos por progênie, para a maximização da acurácia (r_A) na seleção de indivíduos em testes de progênies.

h^2	r_{IA} max	90% da r_{IA} max	95% da r_{IA} max
0,05	0,53	280	653
0,10	0,55	94	201
0,15	0,58	52	122
0,20	0,61	32	85
0,25	0,63	16	43
0,30	0,66	10	33
0,35	0,68	6	17
0,40	0,71	2	14
0,45	0,73	1	7
0,50	0,76	1	5
0,60	0,80	1	1
0,70	0,85	1	1
0,80	0,90	1	1
0,90	0,95	1	1

Fonte: RESENDE (1995)

r_{IA} max - acurácia máxima possível.

Verifica-se que, para seleção de indivíduos em testes de progênies, é impossível obter-se acurácia de 100%. Para valores de herdabilidade (h^2) variando de 5% a 90%, a acurácia máxima (com $nb \rightarrow \infty$) possível variou de 53% a 95% (Tabela 8). Em geral, com h^2 acima de 15% não se justifica o emprego de mais de 100 indivíduos por progênie (Tabela 8), exceto se o número de progênies avaliadas for inferior a 100 (Tabela 7).

4.8.2. TESTES CLONAIIS

Os materiais a serem avaliados em testes clonais procedem das populações-base para seleção (testes de progênies) ou de seleção individual em áreas de ocorrência natural ou plantios comerciais. A primeira alternativa é preferível, pois permite maior acurácia neste primeiro estágio de seleção. Plantas individuais apresentam maior interação genótipo x ambiente e, portanto, os testes clonais devem ser instalados no maior número possível de ambientes. Dependendo da quantidade de material disponível, os testes clonais poderão ser realizados em dois estágios: (I) estágio inicial, visando a eliminação dos clones com menor potencial produtivo; (II) estágio final ou de recomendação de materiais para plantios comerciais.

O estágio inicial é recomendado quando se dispõe de um grande número de materiais genéticos para testes. Ele deve ser instalado em parcelas lineares e em um menor número de locais. Por outro lado, o estágio final exige maior rigor experimental, muitas vezes sendo necessária a utilização de parcelas quadradas, com bordadura e com maior número de plantas. Todos esses fatores visam minimizar os efeitos de competição nas avaliações dos clones. Em ambos os estágios, os delineamentos a serem utilizados devem ser o de blocos casualizados (quando o número de materiais for pequeno) ou látice (quando o número de materiais for elevado).

Na Tabela 9 são apresentados os números adequados de indivíduos por clone em testes clonais, em função da herdabilidade no sentido amplo, ao nível de plantas.

TABELA 9. Número (nb) adequado de indivíduos por clone em testes clonais, em função da herdabilidade (h^2) no sentido amplo, ao nível de plantas, para se obterem acurácias (r_{IA}) de 90% e 95%.

h^2	$r_{IA} = 90\%$	$r_{IA} = 95\%$	r_{IA} para nb = 100
0,05	81	176	0,917
0,10	39	84	0,958
0,15	25	53	0,973
0,20	18	38	0,981
0,25	13	28	0,985
0,30	10	21	0,989
0,35	8	17	0,991
0,40	7	14	0,993
0,45	6	12	0,994
0,50	5	10	0,995
0,60	3	7	0,997
0,70	2	4	0,998
0,80	2	3	0,999
0,90	1	2	0,998

Fonte: RESENDE (1995)

Verifica-se, pela Tabela 9, que 100 plantas por clone conduzem à acurácias superiores a 90%, independentemente da herdabilidade no sentido amplo. Assim, não se justifica empregar mais de 100 rametes por clone. Entretanto, conhecendo-se a herdabilidade do caráter, pode-se optar por um número mais adequado. Por exemplo, com herdabilidade de 20%, consegue-se 95% de precisão na seleção, empregando-se em torno de 40 plantas por clone.

4.8.3. SELEÇÃO DE PARENTAIS (POMAR DE SEMENTES TESTADO)

Muitas vezes o teste de progênies é estabelecido visando a seleção e recombinação dos parentais. Neste caso, o valor genético das matrizes é avaliado com base no comportamento de seus descendentes.

Os delineamentos experimentais a serem utilizados na seleção de parentais também devem ser o de blocos casualizados e/ou látice. Os experimentos devem ser repetidos em vários locais, visando minimizar os efeitos da interação genótipo x ambiente. Na Tabela 10, é apresentado o número adequado de indivíduos por progênie, nos experimentos.

TABELA 10. Número (nb) adequado de indivíduos por progênie, para a seleção de parentais, em função da herdabilidade (h^2) no sentido restrito, ao nível de plantas, para se obterem acurácias (r_{IA}) de 90% e 95%.

h^2	$r_{IA} = 90\%$	$r_{IA} = 95\%$	r_{IA} para nb = 100
0,05	337	732	0,747
0,10	167	361	0,848
0,15	110	238	0,892
0,20	81	176	0,917
0,25	64	139	0,933
0,30	53	115	0,944
0,35	45	97	0,952
0,40	39	84	0,958
0,45	34	74	0,963
0,50	30	65	0,967
0,60	25	53	0,973
0,70	21	44	0,977
0,80	18	38	0,981
0,90	15	32	0,983

Fonte: RESENDE (1995)

Com herdabilidade acima de 15%, 100 plantas por progênie conduzem a acurácias superiores a 90%. Com herdabilidade de 20%, são necessárias cerca de 80 plantas por progênie, para se conseguir 90% de precisão na seleção. Por outro lado, com herdabilidades menores que 35%, são necessárias mais de 100 plantas por família, para se conseguir 95% de acurácia (Tabela 10). Entretanto, de maneira geral, acurácias na faixa de 90% são adequadas.

Comparando-se as Tabelas 9 e 10, verifica-se que a seleção de parentais exige mais repetições que a seleção clonal, para se conseguir um mesmo nível de precisão na seleção.

4.9. SELEÇÃO PARA POPULAÇÃO DE PRODUÇÃO DE SEMENTES E DE MELHORAMENTO

Os métodos ideais de seleção visando a propagação sexuada dos indivíduos selecionados variam em função do controle genético dos caracteres de interesse. Uma vez que os caracteres de importância econômica apresentam, geralmente, baixa herdabilidade (ver item 4.4), serão relatados apenas os métodos mais adequados a esta situação.

4.9.1. SELEÇÃO A PARTIR DE POVOAMENTOS E POPULAÇÕES NATURAIS

Quando não se dispõem de testes de progênies, a população-base para seleção consiste de povoamentos e populações naturais. Neste caso, só existe um estimador para os valores genéticos (VG) dos candidatos à seleção. Este estimador equivale a: $VG = (VI - MG) \cdot h^2$, onde VI é o valor fenotípico individual, MG é a média geral de todos os indivíduos do povoamento e h^2 é a herdabilidade no sentido restrito, a nível de plantas. Porém, nesta situação, não se tem uma estimativa da herdabilidade e, também, as diferenças entre os valores genéticos dos candidatos à seleção são determinados exclusivamente por VI.

Dessa forma, a seleção pode basear-se apenas em VI (valor fenotípico individual) e, portanto, tratar-se de seleção puramente fenotípica. Entretanto, isto não significa que a seleção deva ser conduzida visualmente. Pelo contrário, avaliações e mensurações devem ser realizadas em todos os indivíduos candidatos à seleção, visando eliminar a subjetividade do processo seletivo.

Nesta situação, as seguintes medidas devem ser adotadas visando aumentar a eficiência do processo seletivo (RESENDE & SILVA, 1991): (i) realizar uma estratificação da área (povoamento, população natural) a ser utilizada para seleção e comparar apenas os indivíduos dentro de cada estrato. Dessa forma, aumenta-se h^2 e a seleção é dita seleção fenotípica estratificada ou massal estratificada; (ii) realizar repetidas medições em cada indivíduo candidato à seleção. Neste caso, a seleção é individual, mas baseada na média de várias safras, e a estimação de valores genéticos deve ser realizada através da expressão $VG = (VIM - MGS) \frac{mh^2}{1 - (m-1)r}$, onde VIM é o valor fenotípico médio (média de várias safras) do candidato à seleção, MGS é a média geral de todas as safras, m é o número de medições ou safras e r é a repetibilidade do caráter.

LUSH (1945) atribui o nome "capacidade provável de transmissão" (CPT) à estimativa fornecida por $CPT = MGS + \frac{mh^2}{1 + (m-1)r} (VIM - MGS)$. Esta expressão é muito importante, pois interrelaciona os parâmetros herdabilidade e repetibilidade. A acurácia fornecida por este método de seleção é dada por $\frac{1 - \frac{mh^2}{1 + (m-1)r}}{1 + (m-1)r}$. Assim, conhecendo-se a repetibilidade e a herdabilidade, pode-se determinar o número de medições que permita atingir a acurácia desejada (Tabelas 11 e 12), pela expressão $m = [R^2(1-r)] / [h^2 - rR^2]$, onde R^2 é o coeficiente de determinação ou quadrado da acurácia.

TABELA 11. Acurácia máxima possível para várias combinações entre valores de herdabilidade e repetibilidade (fornecida pela fração $\sqrt{h^2/r}$, e obtida por derivação parcial da expressão da acurácia).

Herdabilidade	Repetibilidade									Acurácia para uma medição
	0,10	0,20	0,30	0,40	0,50	0,60	0,70	0,80	0,90	
0,10	1,00	0,71	0,58	0,50	0,45	0,41	0,38	0,35	0,33	0,32
0,20	-	1,00	0,82	0,71	0,63	0,58	0,53	0,50	0,47	0,45
0,30	-	-	1,00	0,87	0,77	0,71	0,65	0,61	0,58	0,55
0,40	-	-	-	1,00	0,89	0,82	0,76	0,71	0,67	0,63
0,50	-	-	-	-	1,00	0,91	0,85	0,79	0,75	0,71
0,60	-	-	-	-	-	1,00	0,93	0,87	0,82	0,77

TABELA 12. Número de medições necessárias (m) para se obter 90% da acurácia máxima (ou 81% da determinação máxima), na seleção de indivíduos com base em médias de safras.

Repetibilidade	0,10	0,20	0,30	0,40	0,50	0,60	0,70	0,80	0,90
m	38	17	10	6	4	3	2	1	1

Observa-se que, para um valor fixo de repetibilidade, a acurácia máxima aumenta com o aumento da herdabilidade (Tabela 11). Verifica-se, também, que valores mais baixos de repetibilidade respondem mais ao aumento do número de medições ou safras. Em outras palavras, quando a repetibilidade tende a 1, o aumento do número de medições não conduz ao aumento da acurácia. De maneira geral, o uso de medidas repetidas conduz a uma maior acurácia apenas em situações de baixas herdabilidade e repetibilidade, simultaneamente (Tabela 11).

É interessante verificar que o número de medições necessárias para se atingir certa fração da determinação máxima ($R^2_{m\acute{a}x}$), independe da herdabilidade do

caráter. Neste caso, $m = \frac{f R^2_{m\acute{a}x} (1-r)}{h^2 - r f R^2_{m\acute{a}x}}$, onde f é a fração desejada, uma vez que

$R^2_{m\acute{a}x} = \frac{h^2}{1-r}$, obtém-se $m = \frac{f(1-r)}{(1-r)r}$, ou seja, m independe de h^2 .

A partir das modalidades de seleção mencionadas, sementes melhoradas poderão ser obtidas através da instalação de áreas de coleta de sementes ou áreas de produção de sementes.

4.9.2. SELEÇÃO A PARTIR DE TESTES DE PROGÊNIES

Na seleção a partir de testes de progênies e com valores baixos de herdabilidade, os métodos de estimação de valores genéticos devem levar em consideração todos os efeitos do modelo matemático (RESENDE & HIGA, 1994b; RESENDE et al., 1994b). Assim, devem ser aplicados os seguintes estimadores de valores genéticos (delineamento de blocos casualizados, com várias plantas por parcela):

a) Seleção envolvendo um só caráter.

$$VG = (X_{ijk} - \bar{X}_{ij})h^2_d + (\bar{X}_{ij} - \bar{X}_i - \bar{X}_j + \bar{X})h^2_p + (\bar{X}_i - \bar{X})h^2_m + (\bar{X}_j - \bar{X})h^2_b$$

onde:

X_{ijk} - valor fenotípico individual;

\bar{X}_{ij} - média de parcela;
 \bar{X}_i - média de progênie;
 \bar{X}_j - média do bloco;
 \bar{X} - média geral;
 h_m^2 - herdabilidade associada ao efeito de progênie; e
 h_a^2 - herdabilidade associada ao efeito de indivíduo dentro de parcela;
 h_p^2 - herdabilidade associada ao efeito de parcela; e
 h_b^2 - herdabilidade associada ao efeito de bloco.

b) Seleção envolvendo vários caracteres

$$VG = [b_i]' [b_i]^{-1} [b_p]' [b_p]^{-1} \begin{bmatrix} [E_i] \\ [E_p] \\ [E_b] \end{bmatrix}$$

onde:

- $[b_i]'$, $[b_p]'$, $[b_p]'$ e $[b_b]'$ - matrizes transpostas de $[b_i]$, $[b_p]$, $[b_p]$ e $[b_b]$, respectivamente; e
- $[E_i]$, $[E_p]$, $[E_p]$ 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.

Os coeficientes de ponderação (b) são determinados através do sistema matricial:

$$\begin{bmatrix} [b_i] \\ [b_p] \\ [b_p] \\ [b_b] \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} [P_i]^{-1} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & [P_p]^{-1} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & [P_p]^{-1} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & [P_b]^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} [G_i] & 0 & 0 & 0 \\ 0 & [G_p] & 0 & 0 \\ 0 & 0 & [G_p] & 0 \\ 0 & 0 & 0 & [G_b] \end{bmatrix}, \text{ onde:}$$

$[P_i]$, $[P_p]$, $[P_p]$ e $[P_b]$ - matrizes de covariâncias fenotípicas entre os caracteres incluídos no índice, referentes aos efeitos de indivíduos dentro de progênie no bloco, de progênie, de parcelas e de blocos, respectivamente;

$[b_i]$, $[b_p]$, $[b_p]$ e $[b_b]$ - vetores-coluna dos coeficientes de ponderação para os vários caracteres, referentes aos efeitos de indivíduos dentro de progênie no bloco, de progênie, de parcelas e de blocos, respectivamente; e

$[G_i]$, $[G_p]$, $[G_p]$ e $[G_b]$ - matrizes referentes às covariâncias entre os valores fenotípicos dos vários caracteres e os valores genéticos dos caracteres de interesse para a seleção, referentes aos efeitos de indivíduos dentro de progênie no bloco, de progênie, de parcelas e de blocos, respectivamente.

Em todos os casos mencionados, o ganho genético com seleção pode ser calculado fazendo-se as médias dos valores genéticos correspondentes aos indivíduos selecionados. Estabelecendo-se um pomar biclonal com a melhor fêmea e o melhor macho, o ganho genético equivale à média de seus respectivos valores genéticos (os quais são calculados como desvios em relação à média geral). Maiores detalhes referentes aos métodos de seleção podem ser obtidos no trabalho de RESENDE et al (1994a).

A partir da seleção em testes de progênie, sementes melhoradas poderão ser obtidas através da instalação de pomares de sementes por mudas, pomares de sementes clonais ou pomares biparentais (biclonais).

Outra situação, comum no melhoramento da erva-mate, é a necessidade

de várias avaliações (medições) por indivíduo, em testes de progênie. Neste caso, um outro desenvolvimento metodológico é necessário, pois cada progênie possuirá n indivíduos com m medições cada um. Assim, o valor genético dos indivíduos, considerando os efeitos de progênie e indivíduo dentro de progênie, deverá assumir a forma: $VG = h^2_{dm}(I - MF) + h^2_{nm}(MF - MG)$, onde: I é a média das avaliações do indivíduo, MF é a média das várias avaliações de todos os indivíduos da família, MG é a média geral de todas as avaliações em todos os indivíduos do experimento, h^2_{dm} é a herdabilidade dentro de progênie ao nível de média de avaliações, h^2_{nm} é a herdabilidade ao nível de médias de família estimada a partir da média de avaliações.

Os estimadores de h^2_{dm} e h^2_{nm} , para experimentos com uma planta por parcela, são: $h^2_{dm} = \frac{(1 - r_g)m}{1 + (m - 1)r - mr_g h^2}$; $h^2_{nm} = \frac{[1 + (n - 1)r_g]m}{1 + (m - 1)r + (n - 1)mr_g h^2}$, onde n é o número total de plantas na família e r_g é a correlação genética entre indivíduos membros de uma família, equivalendo a $\frac{1}{4}$ para famílias de meios-irmãos. Este método de seleção considera a herdabilidade e a repetibilidade do caráter, o parentesco entre os indivíduos em avaliação, o número de indivíduos por família e o número de medições por indivíduo. Assim, o método é de grande acurácia.

4.10. SELEÇÃO DE PARENTAIS

Um método de seleção muito importante em erva-mate é a seleção de parentais, com base no comportamento de suas progênie. Neste caso, o valor genético dos parentais deve ser estimado por:

$VG = (MP - MG) \left[\frac{nm}{2[1 + (m - 1)r + nr_g h^2]} \right]$, para o caso de experimentos com uma planta por parcela e apenas uma medição por indivíduo, onde MP é a média da progênie e MG é a média geral. Com várias avaliações por indivíduo, no teste de progênie, o valor genético deve ser estimado por:

$VG = (MP - MG) \left[\frac{nmh^2}{2[1 + (m - 1)r + (nm - 1)r_g h^2]} \right]$

A recombinação dos parentais selecionados pode ser realizada das seguintes formas: (I) pomar policlonal com vários machos e várias fêmeas; (II) pomar clonal com várias fêmeas e um único macho repetido várias vezes; e (III) pomar biclonal com apenas o melhor macho e a melhor fêmea. Este último certamente fornecerá maior ganho genético, pois permite máxima intensidade de seleção.

4.11. SELEÇÃO CLONAL

A seleção visando a propagação assexuada ou vegetativa pode ser realizada de duas maneiras: (I) com base em médias de avaliações individuais e (II) com base em testes clonais.

4.11.1. SELEÇÃO CLONAL COM BASE NA REPETIBILIDADE INDIVIDUAL

A seleção deve ser baseada na "capacidade provável de produção" (CPP), fornecida pela expressão: $CPP = MGS \left[\frac{mr}{1 + (m - 1)r} \right] (VIM - MGS)$, conforme LUSH (1945).

Este método de seleção permite comparar indivíduos com diferentes números de medições ou indivíduos de diferentes gerações. Se a herdabilidade no sentido

amplo (h^2_a), ao nível de indivíduo, for conhecida, a expressão: $CPP = MGS + \frac{mh^2_a}{1+(m-1)r} (VIM - MGS)$ é a mais adequada.

4.11.2. SELEÇÃO A PARTIR DE TESTES CLONAIS

Os clones são avaliados em experimentos com repetições, e a seleção deve ser baseada em médias de clones. A estimação de valores genotípicos (V_{gp}) pode ser realizada empregando-se a expressão: $V_{gp} = (MC - MG)h^2_{am} + (MC - MG) \frac{n}{1+(n-1)h^2_a} h^2_a$, onde MC é a média do clone, MG é a média geral e h^2_{am} é a herdabilidade no sentido amplo ao nível de médias de clones.

Tendo-se avaliações repetidas em cada ramete, os valores genotípicos podem ser estimados por: $V_{gp} = \frac{nm}{1+(m-1)r+(n-1)h^2_a} h^2_a (MC - MG)$, para o caso de parcelas com uma planta.

Na Tabela 13, são apresentadas as acurácias relativas às três unidades de seleção clonal.

TABELA 13. Comparação entre acurácias pelos diferentes processos de seleção clonal, para diferentes combinações de valores para repetibilidade e herdabilidade no sentido amplo.

MÉTODO	ACURÁCIA	REPETIBILIDADE	HERDABILIDADE*		
			0,2	0,4	0,6
1. Individual baseada em várias medições	$\frac{mh^2_a}{1+(m-1)r}$	0,2	0,85	-	-
		0,4	0,66	0,93	-
		0,6	0,60	0,79	0,97
2. Baseada em médias de clones, uma avaliação por ramete	$\frac{nh^2_a}{1+(n-1)h^2_a}$	0,2	0,85	-	-
		0,4	0,85	0,93	-
		0,6	0,85	0,93	0,97
3. Baseada em médias de clones, várias avaliações por ramete	$\frac{nmh^2_a}{1+(m-1)r+(n-1)h^2_a}$	0,2	0,85	-	-
		0,4	0,82	0,93	-
		0,6	0,79	0,91	0,97

* Acurácia para $n=m=10$ (método 1 e 2) e $nm=10$ (método 3).

Observa-se que, para valores iguais de repetibilidade e herdabilidade no sentido amplo, os métodos se equivalem. Entretanto, para a mesma quantidade de esforços (mesmo número total $n \cdot m$ de medições), o método 2 apresenta maiores acurácias. Portanto, é vantajoso enfatizar o aumento do número de repetições em detrimento do número de medições. E esse é uma regra geral pois h^2_a é sempre menor que r e portanto, o aumento de n contribui mais para aumentar a herdabilidade no sentido amplo a nível de médias do que o aumento de m contribui para aumentar a repetibilidade a nível de médias. Este procedimento contribui, também, para minimizar o tempo do ciclo seletivo.

A partir da seleção clonal, os clones superiores devem ser estabelecidos em jardins clonais, visando o fornecimento de material para propagação vegetativa.

4.12. EFICIÊNCIAS RELATIVAS DOS MÉTODOS DE SELEÇÃO

Todos os métodos descritos podem ser comparados através de suas acurácias (Tabela 14).

TABELA 14. Comparação entre diversos métodos de seleção de acordo com a acurácia. Considerou-se: herdabilidade no sentido restrito (h^2_r) = 0,20; herdabilidade no sentido

ampla (h^2_a) = 0,25; repetibilidade (r) = 0,30; 20 indivíduos (n) por clone ou progênie de meios-irmãos.

MÉTODO DE SELEÇÃO	ESTIMADOR DA ACURÁCIA	ESTIMATIVA DA ACURÁCIA
- Seleção individual		
1 medição por indivíduo	$(h^2_r)^2$	0,45
2 medições por indivíduos	$\left[\frac{mh^2_r}{1+(m-1)r} \right]^2$	0,55
- Seleção combinada (efeito de família e de indivíduos)		
1 medição por indivíduo	$\frac{1}{2} \left[\frac{nh^2_r}{1+(n-1)r} \right]^2$	0,53
2 medições por indivíduos	$\frac{1}{2} \left[\frac{nmh^2_r}{1+(m-1)r + mn} \right]^2$	0,62
- Seleção de parentais		
1 medição por indivíduo	$\frac{1}{2} \left[\frac{nh^2_r}{1+(n-1)r} \right]^2$	0,72
2 medições por indivíduos	$\frac{1}{2} \left[\frac{nmh^2_r}{1+(m-1)r + mn} \right]^2$	0,79
- Seleção clonal - Individual		
1 medição por indivíduo	$(h^2_a)^2$	0,50
2 medições por indivíduos	$\left[\frac{mh^2_a}{1+(m-1)r} \right]^2$	0,62
- Testes clonais		
1 medição por indivíduo	$\frac{nh^2_a}{1+(n-1)r}$	0,93
2 medições por indivíduos	$\frac{nmh^2_a}{1+(m-1)r + mn}$	0,96

Os parâmetros assumidos para a obtenção das estimativas de acurácias são coerentes com a natureza dos mesmos, ou seja, a herdabilidade no sentido amplo tem valor superior à herdabilidade no sentido restrito (em torno de 20%, conforme apresentado na Tabela 6) e inferior à repetibilidade, conforme teoricamente esperado (Tabela 5). Os resultados obtidos servem como indicadores de tendências e não para comparação de eficiência relativa em termos de magnitudes, uma vez que não se conhecem h^2_a e r .

Constata-se que, de maneira geral, os métodos baseados em várias medições (safras) por indivíduo são superiores àqueles baseados em apenas uma medição. Dentre as modalidades de seleção visando a propagação sexuada, verifica-se que o melhor método é a seleção de parentais com base em testes de suas progênie, seguido da seleção combinada e, por último, a seleção individual. É interessante verificar que para herdabilidade no sentido restrito de 20%, a seleção individual com duas medições por indivíduo é superior à seleção combinada com uma medição por indivíduo. Na seleção visando a propagação vegetativa, o método de seleção a partir de testes clonais é superior ao da seleção individual (Tabela 14).

Numa comparação geral, envolvendo ambos os sistemas de propagação, verifica-se superioridade dos métodos "seleção clonal a partir de testes clonais" e "seleção de parentais", sendo que o primeiro é superior. Embora apresentando precisões elevadas, estes métodos, em geral, permitem menor intensidade de seleção que os demais e, portanto, nem sempre os ganhos genéticos por estes métodos serão os maiores.

Na prática, os métodos listados na Tabela 14 são utilizados em diferentes situações. Os

métodos de seleção de parentais e seleção a partir de teste clonal são aplicados para uma nova seleção, desta feita com maior precisão, sobre os materiais já selecionados previamente pelos demais métodos.

4.13. CRUZAMENTOS PARA A GERAÇÃO DE NOVAS PROGÊNIES

Visando o início de um novo ciclo seletivo, novas progênies deverão ser geradas, segundo critérios bastante científicos. A obtenção de novas progênies deve ser fundamentada na predição da descendência, utilizando-se as informações dos valores genéticos dos indivíduos selecionados. Dessa forma, poderão ser geradas progênies já sabidamente superiores. Neste sentido, modelos genéticos preditivos e procedimentos de seleção de cruzamentos têm sido desenvolvidos (ALLAIRE, 1980; TORO & SILIO, 1992).

A geração das progênies pode ser obtida através de policruzamentos, onde um grupo de indivíduos selecionados, fêmeas e machos, são intercruzados naturalmente em um pomar de recombinação. Neste caso, são geradas famílias de meios-irmãos. Por outro lado, cruzamentos planta a planta, realizados artificialmente, permitem maior direcionamento de acordo com os objetivos da seleção, gerando famílias de irmãos germanos.

A geração de famílias de irmãos germanos pode advir da realização de cruzamentos preferenciais positivos, onde indivíduos com os maiores valores genéticos para um mesmo caráter são cruzados. Pode advir, também, da realização de cruzamentos preferenciais corretivos, onde indivíduos superiores em valores genéticos, para diferentes caracteres, são cruzados, visando a correção de determinados defeitos da população.

4.14. HIBRIDAÇÃO

De maneira geral a hibridação apresenta dois aspectos interessantes ao melhorista: a possibilidade de obtenção de heterose (superioridade dos descendentes em relação à média dos pais) para determinadas características; e a possibilidade de reunião, em um mesmo indivíduo, de características desejáveis que se encontram em diferentes espécies.

A heterose, ou vigor híbrido, é definida em termos biométricos por $h_v = \sum_{i=1}^n p_i r_i d_i$, onde p_i e r_i são as frequências dos alelos favoráveis dos parentais e d_i o valor genotípico do heterozigoto. Assim, a heterose depende essencialmente da existência de divergência genética entre os parentais e de algum nível de dominância nos loci que controlam os caracteres de interesse (FALCONER, 1989).

Em erva-mate, a existência de heterose para produção de massa foliar não tem sido ainda estudada. Por outro lado, a hibridação visando a reunião de características de diferentes espécies tem sido experimentada na Argentina. BELINGERI & PRAT KRICUN et al. (1992b) relatam a realização de cruzamentos entre *Ilex paraguariensis* e *Ilex dumosa*, visando a transferência da resistência à praga ampola da erva-mate (*Gyropsyla spegazziniana*) de *I. dumosa* para *I. paraguariensis* ou para o híbrido. Todavia, é necessário ressaltar que a hibridação envolvendo espécies de *Ilex* carece de maiores estudos.

5. PRODUÇÃO DE PROPÁGULOS MELHORADOS

Esta seção é destinada aos pequenos e médios produtores de erva-mate. Dessa forma, métodos simples de seleção são relatados de forma prática e direta. A terminologia empregada segue NAMKOONG et al. (1966).

5.1. ÁREAS DE COLETA DE SEMENTES

Em um povoamento natural ou artificial, os seguintes passos devem ser adotados:

- avaliação (com base em peso de folhas e ramos finos) da produtividade

- de cada planta;
- identificação das plantas femininas mais produtivas;
- colheita de sementes apenas das plantas femininas mais produtivas; e
- produção de mudas a partir das sementes colhidas.

O número de plantas femininas a serem utilizadas para a colheita de sementes depende da quantidade necessária de sementes. Em geral, quanto menor o número de plantas utilizadas para colheita de sementes, maior o ganho genético em produtividade.

Safras posteriores poderão ser medidas nas plantas originais, visando a confirmação da seleção. Quanto maior o número de safras avaliadas, maior será o ganho em produtividade.

5.2. ÁREAS DE PRODUÇÃO DE SEMENTES

Em um povoamento natural ou artificial, os seguintes procedimentos devem ser adotados:

- avaliação (com base em peso de folhas e ramos finos) da produtividade de cada planta;
- identificação das plantas femininas e masculinas mais produtivas;
- desbaste com eliminação das piores plantas femininas e masculinas;
- colheita de sementes das plantas remanescentes; e
- produção de mudas a partir das sementes colhidas.

As demais considerações do item 5.1 são válidas, exceto que as avaliações de safras adicionais só poderão ser realizadas nas plantas remanescentes quando, então, novos desbastes poderão ser aplicados.

5.3. POMARES DE SEMENTES CLONAIS

A partir de povoamentos naturais ou artificiais, as seguintes etapas devem ser implementadas

- avaliação (com base em peso de folhas e ramos finos) da produtividade de cada planta;
- identificação das plantas femininas e masculinas com maiores produtividades;
- propagação vegetativa das plantas femininas e masculinas selecionadas para um pomar de recombinação. A metodologia de propagação encontra-se descrita em GRAÇA et al. (1988 e 1989);
- colheita de sementes do pomar de sementes ou de recombinação; e
- produção de mudas a partir das sementes colhidas.

Neste procedimento, poderá ser utilizado um menor número de plantas femininas e masculinas do que aquele empregado no método do item 5.2, pois a distribuição espacial das plantas selecionadas será muito melhor e os indivíduos poderão ser repetidos várias vezes, aumentando a disponibilidade de sementes. Dessa forma, o ganho genético em produtividade será maior do que em Áreas de Coleta de Sementes e Áreas de Produção de Sementes.

5.4. POMARES DE SEMENTES BIPARENTAIS OU BICLONAIS

A formação destes pomares é similar ao método descrito no item 5.3, exceto que deverão ser propagadas apenas a melhor planta feminina e a melhor planta masculina para o pomar de sementes. No pomar, cada indivíduo será representado por várias estacas ou rametes, suprimindo adequadamente a necessidade de sementes. Devido à alta intensidade de seleção, recomenda-se a utilização deste método somente quando várias safras forem avaliadas em cada indivíduo.

5.5. TESTES DE PROGÊNIES E SELEÇÃO DE PARENTAIS

Neste método, os seguintes procedimentos devem ser adotados:

- colheita de sementes de matrizes previamente selecionadas;

- produção de mudas em separado para cada matriz;
- plantio das mudas produzidas em local adequado (limpo, plano e com tratos culturais adequados), identificando as mudas de acordo com as matrizes;
- avaliação da produtividade de todas as plantas, computando o total produzido por todas as plantas de uma matriz;
- identificação das matrizes mais produtivas com base na produtividade de suas progênes;
- propagação das melhores matrizes para um pomar (conforme item 5.3), juntamente com alguns machos já selecionados; e
- produção de mudas a partir das sementes colhidas no pomar.

5.6. JARDINS CLONAIS E PLANTIOS CLONAIS

A propagação vegetativa é possível em erva-mate. A seguir, são relatados os procedimentos que devem ser realizados visando aos plantios clonais:

- avaliação de várias safras (no mínimo três) em várias plantas;
- seleção das melhores plantas, com base na média das safras;
- propagação das plantas selecionadas para um jardim clonal, que serão mantidas rebaixadas e servirão como fontes de estacas para os plantios clonais; e
- produção e plantio de mudas clonais obtidas a partir do jardim clonal.

5.7. COMPARAÇÃO ENTRE OS MÉTODOS DE PRODUÇÃO DE PROPÁGULOS MELHORADOS

Dentre os métodos descritos, o mais eficiente, para aumentar a produtividade é a seleção de parentais com base em testes de progênes (item 5.5), embora seja o mais trabalhoso e demorado. Entretanto, este método pode ser adotado conjuntamente com outros mais rápidos (Áreas de Coleta de Sementes e Áreas de Produção de Sementes), os quais gerarão material melhorado a curto prazo. Dentre os demais métodos descritos, os mais eficientes são, em ordem decrescente: plantios clonais, pomares de sementes biparentais, pomares de sementes clonais, área de produção de sementes, área de coleta de sementes.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLAIRE, F.R. Mate selection by selection index theory. Theoretical and Applied Genetics. Berlin, v.57, p.267-272, 1980.
- ASSMANN, E. M.; REVERS, L. F.; COELHO, G. C.; WINGE, H. Avaliação da contribuição genética na determinação do grau de maturidade embrionária de erva-mate. *Ilex paraguariensis* St. Hill. Aquifoliaceae. In: REUNIÃO TÉCNICA DO CONE SUL SOBRE CULTURA DA ERVA-MATE, 1., 1992, Porto Alegre. Resumos. Porto Alegre: UFRS, 1992. p.40
- BELINGHERI, L.D.; PRAT KRICUN, S.D. Evaluación preliminar de clones y progenies policlonales de yerba mate en San Vicent, Misiones, Argentina. In: REUNIÃO TÉCNICA DO CONE SUL SOBRE A CULTURA DA ERVA-MATE, 1., 1992, Porto Alegre. Resumos. Porto Alegre: UFRS, 1992a. p.45.
- BELINGHERI, L.D.; PRAT KRICUN, S.D. Selección de plantas. In: CURSO DE CAPACITACIÓN EN PRODUCCIÓN DE YERBA MATE, 1., 1992, Cerro Azul. Resúmenes técnicos. Cerro Azul: INTA, 1992b. p.17-21.
- BOYLE, T.J.B.; YEH, F.C. Within-population genetic variation - Implications for selection and breeding. In: SYMPOSIUM ON TREE IMPROVEMENT, 21: Progressing Together, 1987. Truro. Proceedings. Ottawa: Canadian Forestry Service, 1987. p.20-40
- BRIQUET JUNIOR, R. Melhoramento genético animal. São Paulo: Melhoramentos/USP, 1967. 269p.
- CARPANEZZI, A.A. Teste de procedências e progênies de *Ilex paraguariensis*. Colombo: EMBRAPA-CNPQ, 1988. 5p. (EMBRAPA-CNPQ. Experimento 465c)
- CARPANEZZI, A.A.; ZANON, A.; IEDE, E.T.; STURION, J.A.; GRAÇA, M.E.C.; LOURENÇO, R.S. Diretrizes de pesquisa aplicada para plantios de erva-mate no Brasil. In: CONGRESSO FLORESTAL DO PARANÁ, 2., 1988, Curitiba. Resumos. Curitiba: Instituto Florestal do Paraná, 1988. p.59
- CARVALHO, P.E.R. Espécies florestais brasileiras, recomendações silviculturais, potencialidades e uso da madeira. Colombo: EMBRAPA-CNPQ. Brasília: EMBRAPA-SPI, 1994. 640p.
- CLARK, R.B.; ORTON, E.R. JR. Sex ratio in *Ilex opaca* Ait. HortScience, Alexandria, v.2, n.3, p.115, 1967.
- CORRÊA, G. Controle genético do enraizamento de estacas em erva-mate. Curitiba: Universidade Federal do Paraná, 1995. 54p. Tese Mestrado
- CROCE, D. da; FLOSS, P.A. Comportamento de procedências de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hill.), para a região oeste e norte de Santa Catarina; relatório de pesquisa. Curitiba: EMBRAPA-CNPQ, 1991. (não publicado).
- CROCE, D. da; HIGA, A.R.; FLOSS, P.A. Escolha de fontes de sementes de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hill.) para Santa Catarina. Florianópolis: EPAGRI, 1994. 23p. (EPAGRI Boletim Técnico, 69).
- DIAS, L.A.S.; KAGEYAMA, P.Y. Variação genética em espécies arbóreas e consequências para o melhoramento florestal. Agrotropica. Itabuna, v.3, n.3, p.119-127, 1991
- FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. New York: Ronald Press, 1989. 385p
- FERREIRA, A.G.; KASPARY, R.; FERREIRA, H.B.; ROSA, L.M. Proporção de sexo e polinização em *Ilex paraguariensis* St. Hill. Brasil Florestal. Brasília, n.53, p.29-33, 1983.
- FLOSS, P.A. Variações genéticas entre populações naturais de *Ilex paraguariensis* St. Hill. (erva-mate) avaliadas em Chapecó-SC e Três Barras-SC. Piracicaba: ESALQ, 1994. 94p. Tese Mestrado.
- FRANCO, H.M. Erva-mate: o MERCOSUL dispõe dessa exclusividade. Agropecuária Catanaense. Florianópolis, v.5, n.4, p.34-31, 1992.
- GRAÇA, M.E.C.; COOPER, M.A.; TAVARES, F.R.; CARPANEZZI, A.A. Estação de erva-mate. Curitiba: EMBRAPA-CNPQ, 1988. 6p. (EMBRAPA-CNPQ Circular Técnica 18)
- GRAÇA, M.E.C.; TAVARES, F.R.; RODIGHIERI, H.R.; COOPER, M.A. Produção de mudas de erva-mate por estufa. Colombo: EMBRAPA-CNPQ, 1989. 7p.

- HAMRICK, J.L.; LOVELESS, M.D. Isozyme variation in tropical trees: procedures and preliminary results. Biotropica, New Orleans, v.18, n.3, p.201-207, 1986.
- HIGA, A.R.; RESENDE, M.D.V. de; CARVALHO, P.E.R. Pomar de sementes por mudas: um método para conservação genética "ex-situ" de *Araucaria angustifolia* (BERT.) O. Ktze. In: CONGRESSO NACIONAL SOBRE ESSÊNCIAS NATIVAS, 2., 1992, São Paulo. Anais. São Paulo: Instituto Florestal, 1992. v.4, p.1.217-1.224.
- KAGEYAMA, P.Y.; VENCOSKY, R. Variação genética em progênes de uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. IPEF, Piracicaba, n.24, p.9-26, 1983.
- KANG, H. Designing a tree breeding system. In: MEETING OF THE CANADIAN TREE IMPROVEMENT ASSOCIATION, 17., 1979, Gander. Proceedings. Ottawa: Canadian Tree Improvement Association, 1980. p.51-66.
- LUSH, J.L. Animal breeding plans. 3.ed. Ames: Iowa State College Press, 1945. 443p.
- MATTOS, N.F. Revisão taxonômica da erva-mate - *Ilex paraguariensis* St. Hil. In: SEMINÁRIO SOBRE ATUALIDADES E PERSPECTIVAS FLORESTAIS, 10., Silvicultura da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). 1983, Curitiba. Anais. Curitiba: EMBRAPA-CNPQ, 1985. p.37-46. (EMBRAPA-CNPQ, Documentos, 15).
- MAZUCHOWSKI, J.Z. Manual da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). Curitiba: EMATER-PR, 1989. 104p.
- MAZUCHOWSKI, J.Z., RÜCKER, N.G. de A. Diagnóstico e alternativas para a erva-mate (*Ilex paraguariensis*). Curitiba: Secretaria de Agricultura e Abastecimento - DERAL, 1993. 141p.
- NAMKOONG, G.; SNYDER, E.B.; STONECYPHER, R.W. Heritability and gain concepts for evaluating breeding systems such as seedling orchards. Silvae Genetica. Frankfurt, v.15, p.76-84, 1966.
- OLIVEIRA, Y.M.M. de; ROTTA, E. Área de distribuição geográfica nativa de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). In: SEMINÁRIO SOBRE ATUALIDADES E PERSPECTIVAS FLORESTAIS, 10. Silvicultura da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.), 1983, Curitiba. Anais. Curitiba: EMBRAPA-CNPQ, 1985. p.17-36 (EMBRAPA-CNPQ, Documentos, 15).
- PEREIRA, M.B.; VENCOSKY, R. Limites da seleção recorrente. I. Fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.23, n.7, p.769-780, 1988.
- PRAT KRICUN, S.D. Yerba-mate - investigación agronómica en la República Argentina. In: SEMINÁRIO SOBRE ATUALIDADES E PERSPECTIVAS FLORESTAIS, 10., Silvicultura da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). 1983, Curitiba. Anais. Curitiba: EMBRAPA-CNPQ, 1985. p.82-93 (EMBRAPA-CNPQ, Documentos, 15).
- RAWLINGS, J.D. Present status of research on long and short-term recurrent selection in finite populations. choice of population size. Raleigh: North Carolina State University - Department of Experimental Statistics, 1969. 15p. Paper presented to the Quantitative Genetics Working Group - Section 22 - IUFRO MEETING, 1969, Raleigh.
- 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, Colombo, n.22/23, p.61-77, 1991.
- RESENDE, M.D.V. de. Delineamento de experimentos de seleção para a maximização de acurácia seletiva e do progresso genético. Revista Árvore (1995) (no prelo)
- RESENDE, M.D.V. de; BERTOLUCCI, F.L.G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE ON EUCALYPT PLANTATIONS: Improving Fibre Yield and Quality, 1995, Hobart. CRC for Temperate Hardwood Forestry, 1995. p.167-170.
- RESENDE, M.D.V. de; HIGA, A.R. Estimção de valores genéticos no melhoramento do *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e seus parentes. Boletim de Pesquisa Florestal, Colombo, n.28/29, pg.11-36, 1994a.
- RESENDE, M.D.V. de; HIGA, A.R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênes de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. Boletim de Pesquisa Florestal, Colombo, n.28/29, p.37-55, 1994b.

- RESENDE, M.D.V. de; HIGA, A.R.; LAVORANTI, O.J. Regressão geno-fenotípica multivariada e maximização do progresso genético em programas de melhoramento de *Eucalyptus*. Boletim de Pesquisa Florestal, Colombo, n. 28/29, p. 57-71, 1994b
- RESENDE, M.D.V. de; OLIVEIRA, E.B. de; MELINSKI, L.C.; GOULART, F.S.; OAIDA, G.R. SELEGEN - Seleção Genética Computadorizada - Best Prediction, manual do usuário Colombo: EMBRAPA-CNPq, 1994. 31p.
- RESENDE, M.D.V. de; SILVA, H.D. da. Estratégia de melhoramento para erva-mate baseada no coeficiente de repetibilidade. In: CONGRESSO FLORESTAL E DO MEIO AMBIENTE DO PARANÁ, 3, 1991, Curitiba. Anais. Curitiba: Associação Paranaense de Engenheiros Florestais, 1991. p.241-251.
- RESENDE, M.D.V. de; STURION, J.A.; CARPANEZZI, A.A.; MENDES, S. Genética e melhoramento da erva-mate para produção de massa verde na região de Curitiba. Colombo: EMBRAPA-CNPq, 1993. 10p (EMBRAPA-CNPq. Subprojeto 08 0.94.501 02).
- RESENDE, M.D.V. de; VENCOSKY, R. Condução e utilização de bancos de conservação genética de espécies de eucalipto. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 6, 1990, Campos do Jordão. Anais. São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 1990. p.434-439.
- REVERS, L.F.; WINGE, H. Avaliação do grau de maturidade embrionária de espécies neotrópicas de *Ilex* no estado do Rio Grande do Sul - Brasil (Aquifoliaceae). In: REUNIÃO TÉCNICA DO CONE SUL SOBRE A CULTURA DA ERVA-MATE, 1., 1992, Porto Alegre. Resumos. Porto Alegre: UFRS, 1992. p.52.
- REVERS, L.F.; WINGE, H. Genética e evolução de espécies neotrópicas de *Ilex* Aquifoliaceae grau de maturidade embrionária das sementes. In: ANNUAL MEETING OF THE BRAZILIAN GENETICS SOCIETY, 37., 1991, Caxambu. Program and abstracts. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1991. p.96. Publicado na Revista Brasileira de Genética, v.14, n.3, 1991
- ROBERTSON, A. A theory of limits in artificial selection. Proceedings of the Royal Society of London. Series B, London, v.153, p.234-249, 1960.
- STURION, J.A. Produção de mudas e implantação de povoamentos de erva-mate. Curitiba: EMBRAPA-CNPq, 1988. 10p (EMBRAPA-CNPq. Circular Técnica, 17).
- STURION, J.A.; RESENDE, M.D.V. de; MENDES, S. Proporção de sexo e efeito sobre a produtividade de biomassa foliar em *Ilex paraguariensis* St. Hil.. Colombo: EMBRAPA-CNPq, 1994 (não publicado)
- STURION, J.A.; RESENDE, M.D.V. de; CARPANEZZI, A.A.; MENDES, S. Variação genética e seleção para produção de biomassa foliar em *Ilex paraguariensis*. Colombo: EMBRAPA-CNPq, 1995 (não publicado).
- TORO, M.A.; SILIO, L. An alternative to restricted BLUP based on mate selection. Livestock Production Science. Amsterdam, v.32, p.181-187, 1992.
- VENCOSKY, R. Amostragem genética em populações naturais. Silvicultura, São Paulo, n.41, p.95-96, 1986.
- VENCOSKY, R. Tamanho efetivo em populações submetidas à seleção. Sexos separados. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, n.12, p.282-287, 1978
- VENCOSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.
- WHITE, T.L. A conceptual framework for tree improvement programs. New Forests, Dordrecht, v.4, p.325-342, 1987
- WOLLHEIM, C.; WINGE, H. Variabilidade isoesterástica em populações naturais de *Ilex paraguariensis* St. Hil (Aquifoliaceae). In: ANNUAL MEETING OF THE BRAZILIAN GENETICS SOCIETY, 37., 1991, Caxambu. Program and abstracts. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1991. p.94. Publicado na Revista Brasileira de Genética, v.14, n.3, 1991
- WOLLHEIM, C.; WINGE, H. Análise da paternidade em populações de erva-mate. *Ilex*

paraguariensis St. Hill (Aquifoliaceae). In REUNIÃO TÉCNICA DO CONE SUL SOBRE CULTURA DA ERVA-MATE, 1., 1992. Porto Alegre Resumos. Porto Alegre: UFRS, 1992. p 41.

ZANON, A. Produção de sementes de erva-mate. Curitiba EMBRAPA-CNPQ, 1988. 7p. (EMBRAPA-CNPQ. Circular Técnica, 16).

ANEXOS



FIGURA 1. TESTE DE PROGÊNIE DE MEIOS-IRMÃOS DE ERVA-MATE



FIGURA 2. VARIABILIDADE FENOTÍPICA ENTRE E DENTRO DE
PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE ERVA-MATE.



FIGURA 3. VARIABILIDADE FENOTÍPICA ENTRE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE ERVA-MATE.



FIGURA 4. VARIABILIDADE FENOTÍPICA ENTRE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE ERVA-MATE.



FIGURA 5. PROGÊNIE DE MEIOS-IRMÃOS DE ERVA-MATE SELECIONADA PARA PRODUÇÃO DE MASSA FOLIAR.



FIGURA 6. ÁRVORE SELECIONADA PARA PRODUÇÃO DE MASSA FOLIAR DENTRO DE PROGÊNIE DE MEIOS-IRMÃOS DE ERVA-MATE.



FIGURA 7. PLANTIO DE ERVA-MATE NA REGIÃO DE CASCAVEL, PR.



FIGURA 8. ERVA-MATE NATIVA, COLOMBO, PR.



FIGURA 9. ERVAL NATIVO E PASTAGEM, APÓS CORTE SELETIVO EM FLORESTA NATURAL COM *Araucaria angustifolia*. COLOMBO, PR.



FIGURA 10. ERVAL NATIVO E PASTAGEM, APÓS CORTE SELETIVO EM FLORESTA NATURAL. COLOMBO, PR.