UNIVERSIDADE FEDERAL DE LAVRAS

DHEYNE SILVA MELO

NÚMERO DE GENITORES PARA A GERAÇÃO DE POPULAÇÕES SINTÉTICAS EM EUCALIPTO VIA SIMULAÇÃO

LAVRAS - MG
2010

Livros Grátis

http://www.livrosgratis.com.br

Milhares de livros grátis para download.

DHEYNE SILVA MELO

NÚMERO DE GENITORES PARA A GERAÇÃO DE POPULAÇÕES SINTÉTICAS EM EUCALIPTO VIA SIMULAÇÃO

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de "Doutor".

Orientador

Dr. Daniel Furtado Ferreira

LAVRAS - MG

2010

Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da Biblioteca da UFLA

Melo, Dheyne Silva.
Número de genitores para a geração de populações sintéticas em eucalipto via simulação / Dheyne Silva Melo. – Lavras : UFLA, 2010.
71 p. : il.

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Lavras, 2010.
Orientador: Daniel Furtado Ferreira.
Bibliografia.

1. *Eucalyptus*. 2. Sintéticos. 3. Monte Carlo. 4. Alógamas. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 631.53

DHEYNE SILVA MELO

NÚMERO DE GENITORES PARA A GERAÇÃO DE POPULAÇÕES SINTÉTICAS EM EUCALIPTO VIA SIMULAÇÃO

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de "Doutor".

APROVADA em 30 de julho de 2010

Dr. Magno Antonio Patto Ramalho	UFLA
Dr. João Bosco dos Santos	UFLA
Dr. Aurélio Mendes Aguiar	FIBRIA CELULOSE S.A
Dr. Júpiter Israel Muro Abad	FIBRIA CELULOSE S.A

Dr. Daniel Furtado Ferreira

Orientador

LAVRAS – MG

2010

A minha inesquecível avó,
Maria Geraldina Lima (in memoriam)

OFEREÇO

Aos meus pais, irmãos, avós, tios, primos e amigos.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela forte presença em todas as conquistas de minha vida.

À Universidade Federal de Lavras, por meio do Departamento de Biologia, pela oportunidade de realização do Doutorado.

À (Capes) e ao (CNPq), pela concessão das bolsas de estudo na fase inicial do curso.

Ao Centro de Tecnologia Canavieira (CTC) pela oportunidade do primeiro emprego e treinamento no melhoramento genético da cana-de-açúcar.

Aos doutores Francisco Ivaldo Oliveira Melo, João Licínio Nunes de Pinho, Ervino Bleicher e Francisco das Chagas Vidal Neto pela iniciação na atividade científica.

Ao pesquisador João Rodrigues de Paiva, pelo incentivo e apoio inicial para a realização da pós-graduação.

Ao professor Daniel Furtado Ferreira, pela orientação, amizade, compreensão, apoio, confiança e incentivos dedicados para a realização deste trabalho, além dos conhecimentos transmitidos para meu crescimento profissional.

Aos companheiros de trabalho do Centro de Tecnologia Canavieira, em especial ao coordenador do Programa de Variedades e amigo Arnaldo Raizer.

Ao professor Magno Antonio Patto Ramalho, pelo exemplo de dedicação à pesquisa e conhecimento científico.

Aos professores do Departamento de Biologia, pelos ensinamentos teóricos e práticos transmitidos ao longo de todo o curso.

Aos demais funcionários do Departamento de Biologia.

Aos colegas do GEN, pela amizade, companheirismo e churrascos inesquecíveis.

A todos os amigos que fiz em Lavras, Piracicaba e Maceió.

À minha namorada Nayane, pelo amor, carinho, compreensão e companheirismo.

A todos que, de alguma forma, contribuíram para meu crescimento pessoal e profissional, bem como para a realização deste trabalho.

De Lavras e dos amigos que aqui fiz, agora sim, sentirei saudades...

RESUMO

A geração de populações sintéticas é uma possibilidade que tem sido pouco explorada no melhoramento do eucalipto. Para a fase de desenvolvimento, a principal dúvida que surge é qual seria o número de genitores para a geração das melhores populações. O presente trabalho teve como objetivo verificar qual seria esse número, fornecendo subsídios para a geração dessas populações. As simulações Monte Carlo foram realizadas com o intuito de responder a essa questão usando o programa R e linguagem matricial. Nas simulações foram considerados caracteres genéricos, seis classes de população base, quatro condições ambientais (herdabilidades distintas) e dois tamanhos de populações sintéticas. O número de genes envolvidos no controle genético dos caracteres em todas as situações foi fixado em 100, considerados independentes, ou seja, sem ligação. Não foram consideradas interações epistáticas. Foram realizadas 1000 simulações Monte Carlo de cada configuração envolvendo as combinações dos fatores estudados. De cada população sintética formada nessas simulações, foram tomadas as estatísticas descritivas (média, coeficiente de variação, mínimo e máximo) relativas à proporção de alelos favoráveis em relação ao número total de alelos. Da distribuição das 1000 simulações de cada sintético também foram obtidas as mesmas estatísticas descritivas. Foi observado que o aumento do número de genitores (*s*) teve o efeito de reduzir a média do sintético em relação à proporção de alelos favoráveis e favorecer a segregação de um número maior de genes, acarretando no aumento de variabilidade (coeficiente de variação e amplitude). Foi buscado então um balanço entre a redução da média, menor adaptação da população sintética, e o aumento da variabilidade com a utilização do ganho esperado com a seleção. Realizou-se assim a análise do modelo linear com platô. O platô estimado, valor de *s* em que houve a estabilização do ganho esperado com a seleção, foi considerado como o número ideal de genitores para a geração do sintético. Os resultados mostraram que para a estabilização do ganho esperado com a seleção, para intensidades de seleção de 1% e 5%, utilizando populações base pouco melhoradas, são necessários cinco ou seis genitores, independentemente da herdabilidade e da dominância. Ademais, para populações base melhoradas, o número ótimo de genitores deve estar entre seis e quinze para gerar as populações sintéticas, independentemente da herdabilidade e da dominância.

Palavras chave: Sintéticos. Monte Carlo. *Eucalyptus*. Alógamas.

ABSTRACT

The generation of synthetic populations is a possibility that has been little explored in the eucalyptus breeding. For the development phase, the main question that arises is what would be the ideal number of parents for the generation of better synthetic populations. This study aimed to ascertain what would the number that support the generation of these populations optimally. Monte Carlo simulations were performed aiming to answer this question, using the R software and matrix language. In these simulations generic traits, six classes of the base population, four environments (different heritabilities) and two sizes of synthetic populations were considered. The number of genes involved in the genetic control of the traits in all circumstances was settled at 100 and they were considered independently, without linkage. Epistatic interactions were not considered. A total of 1000 Monte Carlo simulations for each configuration involving combinations of factors studied was performed. For each synthetic population, descriptive statistics as mean, coefficient of variation, minimum and maximum were taken on the proportion of favorable alleles. From the distribution of the 1000 simulations descriptive statistics of each synthetic it was also obtained the same descriptive statistics previously presented. It was observed that increasing the number of parent (*s*) had the effect of reducing the synthetic proportion of favorable alleles mean and favor the segregation of a larger number of genes, resulting in increased variability (coefficient of variation and range). A balance between the reduction of the mean, less adaptation of the synthetic population, and the increment of the variability (coefficient of variability) was sought using the expected gain with selection. Then, it was fitted the linear response plateau model. The estimated plateau, s value for which there was a stabilization of the expected gain with selection, was seen as the ideal number of parents for the generation of the synthetic population. The results showed that stabilization of the expected gain with selection, considering selection intensities of 1% and 5%, with slightly improved base populations was found to be five or six parents, regardless of the heritability and dominance. Moreover, for improved base populations, the optimal number of parents to generate the synthetic populations was found to be between six and fifteen, regardless of the heritability and dominance.

Key words: Synthetics. Monte Carlo. *Eucalyptus.* Allogamous.

SUMÁRIO

1	**INTRODUÇÃO.....**	1
2	**REFERENCIAL TEÓRICO.....**	3
2.1	**Melhoramento genético do eucalipto.....**	3
2.2	**Controle genético de caracteres em eucalipto.....**	7
2.3	**Populações sintéticas.....**	11
2.4	**Simulação computacional no melhoramento genético de plantas..**	14
3	**MATERIAL E MÉTODOS.....**	22
3.1	**Obtenção da população base.....**	23
3.2	**Geração das populações sintéticas.....**	26
3.3	**Estatísticas descritivas.....**	28
3.4	**Ganhos esperados com a seleção nas populações sintéticas.....**	29
3.5	**Número ideal de genitores.....**	29
4	**RESULTADOS E DISCUSSÃO.....**	31
4.1	**Efeito do número de genitores na geração do sintético para herdabilidade igual a 10% (h^2 = 0,1).....**	31
4.2	**Efeito do número de genitores na geração do sintético para herdabilidade igual a 100% (h^2 = 1).....**	41
4.3	**Considerações gerais.....**	45
5	**CONCLUSÕES.....**	54
	REFERÊNCIAS.....	55
	APÊNDICES.....	65
	ANEXO.....	67

1 INTRODUÇÃO

A produção de papel e celulose é um componente importante do agronegócio brasileiro. O Brasil tem apresentado forte crescimento nesse setor, tornando-se o principal produtor de celulose de mercado do mundo, utilizando o eucalipto como principal fonte de matéria-prima. Grande parte do sucesso na produção de celulose no Brasil deve ser creditada à obtenção de clones geneticamente superiores (BARRICHELO; SILVA, 2006).

A continuidade da obtenção de progresso genético expressivo é condicionada à existência de novas estratégias de seleção. Em princípio, os melhoristas do setor florestal acreditavam que a melhor estratégia seria a seleção recorrente recíproca, visando ao melhor aproveitamento da heterose, devido aos desvios de dominância (RESENDE; REZENDE, 2000). Contudo, alguns trabalhos demonstraram que a importância da dominância no controle genético de vários caracteres é menor do que se supunha (BORRALHO, 1997; COSTA et al., 2004; HARDNER; POTTS, 1995; HODGE et al., 1996).

Nessa condição, a seleção recorrente intrapopulacional pode proporcionar também ganhos expressivos com um menor dispêndio de recurso e tempo. Na seleção recorrente intrapopulacional visando à obtenção de clones que associem fenótipos favoráveis de vários caracteres, o questionamento principal é de como gerar a população base. Tem sido proposta a geração de populações sintéticas, provenientes do intercruzamento de clones e/ou indivíduos que possuam os fenótipos desejáveis para os diferentes caracteres (DIETERS; KERR; TIER, 2004; TAMAKI et al., 2007).

Para a geração do sintético, outra indagação que surge é quantos clones e/ou indivíduos devem ser intercruzados. A princípio, imagina-se que quanto maior esse número, melhor. Entretanto, quanto maior for o número de genitores, mais difícil será encontrar indivíduos que realmente sejam os melhores,

sobretudo em termos de adaptação, bem como realizar os intercruzamentos. Assim, deve-se procurar o número mínimo de genitores, de forma a propiciar ganhos expressivos, com o menor dispêndio de tempo e recurso na realização desses intercruzamentos.

Infelizmente, não foram encontrados, na literatura, relatos conclusivos a esse respeito e a melhor opção para se obter essa informação, de modo mais rápido e envolvendo grande amplitude de condições, é por meio de simulação computacional (FERREIRA, 2001).

Diante do exposto, foi realizado o presente trabalho, utilizando a simulação computacional, com o objetivo de verificar qual seria o número ideal de genitores para a geração de populações sintéticas, fornecendo subsídios para a geração de sintéticos nos programas de melhoramento de eucalipto.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Melhoramento genético do eucalipto

As primeiras introduções de espécies e procedências de eucalipto no Brasil ocorreram nos primeiros anos do século XX. Os primeiros estudos com essa cultura foram iniciados por Edmundo Navarro de Andrade, na extinta Companhia Paulista de Estradas de Ferro, em São Paulo, a partir de 1904. Assim, foi estimulado o plantio do eucalipto para fornecer, em menor tempo, combustível para a ferrovia e a madeira para postes e dormentes (BARRICHELO; SILVA, 2006; FERREIRA; SANTOS, 1997).

As espécies identificadas como as mais promissoras foram *E. grandis*, *E. saligna* e *E. urophylla*. Contudo, os plantios formados apresentavam baixa qualidade. Por isso, em 1941, Navarro de Andrade convidou Carlos Arnaldo Krug, chefe da Seção de Genética do Instituto Agronômico de Campinas (IAC), para, juntos, elaborarem um programa de melhoramento genético de eucalipto. Seus principais objetivos foram: a) melhorar a uniformidade e reduzir o número de falhas das plantações; b) melhorar a forma do tronco, as características dos ramos, o crescimento em altura e diâmetro das árvores; c) melhorar a capacidade de brotação e d) aumentar a produção por unidade de área.

Para atingir esses objetivos, o programa instalado no IAC foi direcionado para a seleção de árvores superiores, a seleção de áreas para produção de sementes, a hibridação interespecífica e a seleção de mudas nos viveiros (FERREIRA; SANTOS, 1997). Contudo, o maior impulso se deu a partir de 1960, devido aos incentivos fiscais que estimularam o plantio em diversas regiões do país e, em consequência, maior atenção foi dada ao melhoramento por parte do setor privado e público, o qual passou a ser realizado sistematicamente (BARRICHELO; SILVA, 2006).

A primeira etapa desse programa de melhoramento consistiu da avaliação de espécies e procedências, visando identificar as mais promissoras (ANDRADE, 1991). Posteriormente, focou-se na seleção massal de indivíduos superiores e na seleção, utilizando famílias de meios-irmãos, com o objetivo de produzir sementes melhoradas de algumas espécies (REZENDE, 2001).

Uma estratégia de melhoramento que forneceu excelente progresso genético foi a utilização de clones, que permitiu, por meio da multiplicação por via assexuada, a perpetuação de boas combinações híbridas (CAMPINHOS; IKEMORI, 1983). Esse avanço genético ocorreu quando os pesquisadores da empresa Aracruz Celulose S.A., atual Fibria Celulose S.A., vislumbraram a possibilidade de se realizar plantios clonais. Passaram, então, a selecionar árvores superiores, especialmente nos plantios comerciais, que eram formados, em sua maioria, por híbridos naturais de Rio Claro, SP, *E. grandis* e *E. urophylla*. O primeiro plantio clonal comercial de eucalipto no Brasil foi implantado em 1979, cerca de 12 anos após o início do seu cultivo pela empresa. Para isso, foi utilizada a propagação vegetativa de estacas retiradas das brotações de cepas (FERREIRA; SANTOS, 1997).

É importante mencionar que, em uma população de plantas alógamas, qualquer indivíduo é um híbrido simples, formado pela união ao acaso de dois gametas. Um dos modos de se perpetuar os melhores híbridos simples é por meio da seleção clonal. Desde que a população tenha variabilidade, a seleção de clones é o processo mais rápido e eficiente de aproveitar a heterose. Além do mais, especialmente por facilidade na colheita e no manuseio das árvores após esta operação, a uniformidade devido à propagação clonal é uma enorme vantagem na exploração comercial de eucalipto. Outra vantagem da propagação clonal é que esta permite o aproveitamento no processo seletivo de toda a variância genética aditiva e de dominância, além dos efeitos epistáticos, resultando em maiores ganhos (BISON, 2004).

A seleção clonal, associada a técnicas de manejo, contribuiu para o expressivo aumento no volume de madeira e produção de celulose por hectare, principalmente porque as empresas aplicaram uma forte intensidade de seleção em milhões de plantas oriundas de propagação sexuada. É tanto que a produtividade de madeira passou de 20 m^3/ha/ano, em 1960, para 40 m^3/ha/ano, em 1998 (RAMALHO; VENCOVSKY, 2000).

A seleção de indivíduos superiores em plantios comerciais e posterior clonagem foi, assim, intensificada em todo o país. O sucesso, como já mencionado, foi grande. O progresso genético obtido na Aracruz Celulose S.A. para volume de madeira, de 1986 a 1994, utilizando este procedimento, foi superior a 2,5% ao ano (BERTOLUCCI; GONÇALVES; REZENDE, 2001). Contudo, ficou evidenciado que este progresso ocorreu em função da avaliação de um número crescente de clones ao longo dos anos.

A seleção clonal é uma técnica de “fim de linha”, isto é, proporciona o máximo de ganho em uma única geração, mas, a partir daí, nenhum ganho adicional é obtido. Assim, é importante que, além da seleção clonal, sejam conduzidos programas de melhoramento sexuado. Desse modo, novas combinações genotípicas precisam ser geradas para que possam ocorrer ganhos genéticos adicionais (BISON, 2004). Neste contexto, os programas de melhoramento passaram a utilizar a seleção recorrente.

A seleção recorrente é um processo cíclico de melhoramento em que há seleção seguida de recombinação dos melhores indivíduos e/ou famílias. Desse modo, o desempenho da população é melhorado gradativamente, por meio do aumento da frequência de alelos favoráveis. Um cuidado que deve ser tomado é o de manter a variabilidade genética em níveis adequados para que ganhos adicionais sejam obtidos ao longo dos ciclos de melhoramento (SOUZA JÚNIOR, 2001).

Os esquemas de seleção recorrente são classificados em seleção recorrente intrapopulacional e seleção recorrente interpopulacional ou recíproca. Na seleção recorrente intrapopulacional, o objetivo é melhorar as performances *per se* das populações, enquanto, na seleção recorrente recíproca, o objetivo é o melhoramento da geração F_1 do cruzamento de duas populações, ou seja, do híbrido interpopulacional (SOUZA JÚNIOR, 1993).

Existem alguns relatos de sucesso com a seleção recorrente intrapopulacional no melhoramento do eucalipto no Brasil. Em uma avaliação de famílias de meios-irmãos de *E. cloeziana* no norte de Minas Gerais, a estimativa do ganho com a seleção entre e dentro de famílias para o diâmetro à altura do peito (DAP), aos 29 meses, foi de 14,4%, utilizando uma intensidade de seleção de 10% (ANDRADE; MARQUES JÚNIOR; RAMALHO, 1996). Em outro trabalho envolvendo a avaliação de famílias de meios-irmãos de *E. camaldulensis*, no noroeste de Minas Gerais, o ganho estimado com a seleção entre e dentro de famílias para o DAP, aos 17 meses de idade, foi de 15,2%, utilizando uma intensidade de seleção de 10% (PEREIRA et al., 1997).

Com a intensificação do emprego de clones e a acumulação de resultados mostrando que híbridos interespecíficos apresentavam melhor desempenho em relação às espécies puras, principalmente pela complementaridade entre algumas espécies, as empresas começaram a conduzir programas de seleção recorrente recíproca. Os híbridos formados pelo cruzamento entre *E. grandis* e *E. urophylla*, por exemplo, apresentavam fenótipos desejáveis para crescimento e celulose (*E. grandis)* e resistência a doenças (*E. urophylla*), principalmente ao cancro, que quase inviabilizou o cultivo do eucalipto no Brasil, nas décadas de 1960 e 1970 (ASSIS, 2000; BERTOLUCCI; PANCHEL; REZENDE, 1995; DENISON; KIETZKA, 1996; RESENDE; REZENDE, 2000; VERRYN, 2000). Na seleção recorrente recíproca, cada população é melhorada em função da outra. Com esse

procedimento espera-se aumentar a heterose, gerando, assim, novas combinações híbridas que irão permitir a seleção de clones superiores aos existentes.

Em espécies arbóreas, a seleção recorrente recíproca não era muito utilizada, com o argumento de que seria muito demorada. No caso do eucalipto, um programa de seleção recorrente recíproca foi iniciado no Congo, em 1989, envolvendo *E. grandis* x *E. urophylla* e *E. urophylla* x *E. pellita*. A estratégia utilizada envolveu a avaliação de famílias de irmãos germanos interespecíficos e a recombinação das plantas que deram origem às melhores famílias, por meio da clonagem destas e plantio em lotes isolados (BOUVET; VIGNERON, 1996; VIGNERON et al., 2000). Nos dois casos, os novos clones apresentaram performances superiores às dos clones tradicionais. O ganho obtido com a seleção dos cinco melhores híbridos entre *E. grandis* x *E. urophylla* proporcionou um aumento na produtividade de 20 para 35 m^3/ha/ano (BAUDOUIM et al., 1997).

Algumas pesquisas foram conduzidas no intuito de obter informações a respeito do controle genético de alguns caracteres em eucalipto. Com essas informações, que serão apresentadas na subseção seguinte, alguns melhoristas começaram a questionar o emprego da seleção recorrente recíproca. Foi proposta, então, a seleção recorrente intrapopulacional, a partir de uma população sintética (DIETERS; KERR; TIER, 2004).

2.2 Controle genético de caracteres em eucalipto

Especialmente a partir de 1990, incrementaram-se os trabalhos visando à obtenção de informações a respeito do controle genético de alguns caracteres em eucalipto. Inicialmente, deu-se ênfase aos caracteres de crescimento.

Em alguns estudos realizados constatou-se que a circunferência à altura do peito e a altura eram características altamente correlacionadas entre si e, evidentemente, também correlacionadas com o volume (PAULA et al., 2002; VOLKER et al., 1990).

Utilizando progênies de meios-irmãos, inúmeras estimativas de herdabilidade para seleção na média das progênies foram obtidas (ANDRADE; MARQUES JÚNIOR; RAMALHO, 1996; CASTRO, 1992; PEREIRA et al., 1997). Em levantamento feito por Castro (1992), foram encontradas estimativas de herdabilidade para volume variando de 10% a 86%, com média de 48%. Estimativas também foram obtidas em indivíduos visando à seleção massal. Neste caso, as estimativas para volume variaram de 10% a 53%, com média de 29% (RESENDE, 2001). Posteriormente, outras estimativas de herdabilidade foram obtidas a partir de progênies de meios-irmãos, irmãos germanos e de clones.

Nestes trabalhos, foram encontradas estimativas médias de herdabilidade no sentido amplo de 55% para circunferência à altura do peito e 73% para densidade básica da madeira, em progênies de clones autofecundados (BISON et al., 2004). Na avaliação de progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*, foram estimadas herdabilidades individuais, no sentido restrito, de 22% para diâmetro à altura do peito, 27% para altura e 21% para volume (ROCHA et al., 2006). Na avaliação de testes clonais, na região de Eunapólis (BA), foi observado o valor médio de herdabilidade no sentido amplo de 96% para o caráter volume (COSTA, 2008).

Com o sucesso obtido para volume começou a ser incentivada a seleção para caracteres associados à qualidade da madeira. Aqui também houve a preocupação de se obter estimativas de parâmetros genéticos. Dentre elas, destacam-se as estimativas pioneiras obtidas por Bertolucci e Demuner (1993), que encontraram herdabilidade de 92,8% para densidade básica da madeira,

82,6% para teor de lignina, 79,1% para pentosanas, 85,6% para extrativos etanol/tolueno e 88,2% para extrativos DCM.

Em outros trabalhos realizados, foram observadas estimativas de herdabilidades, no sentido amplo, de 69% para diâmetro à altura do peito, 48% para altura comercial, 72% para volume cilíndrico, 67% para volume de celulose, 75% para porcentagem de casca, 86% para rendimento bruto e depurado da polpa, 15% para viscosidade da polpa, 84% para teor de lignina, 84% para holocelulose, 83% para extrativos e 56% para densidade básica da madeira. Para a produção de carvão vegetal, foram também encontradas estimativas de herdabilidades de elevada magnitude: 83% para densidade básica da madeira, 80% para densidade seca, 80% para contração tangencial, 79% para contração radial, 75% para teor de lignina, 87% para largura das fibras e 87% para espessura da parede celular. Diante dessas estimativas obtidas, pode-se evidenciar que existe a possibilidade de avanços genéticos expressivos com a seleção, devido ao elevado controle genético da maioria dos caracteres (BOTREL et al., 2007; TOLFO et al., 2005).

Com o incentivo à realização da seleção recorrente recíproca, esforços foram direcionados na obtenção de estimativas de heterose e/ou depressão por endogamia. Um dos trabalhos importantes nesse contexto foi o de Bison et al. (2006), que encontraram heterose de 38,7% para circunferência à altura do peito e de, aproximadamente, 0% para densidade básica da madeira para progênies de irmãos germanos.

Também Bison et al. (2004) estimaram a depressão por endogamia de clones comerciais autofecundados e encontraram depressão média de 17,5% para circunferência à altura do peito e de 4% para densidade básica da madeira.

Esses resultados mostraram que, em função do baixo percentual de depressão, a heterose não é muito grande em eucalipto e que, talvez, a melhor opção fosse utilizar a seleção recorrente intrapopulacional. Foi proposta, então, a

seleção recorrente intrapopulacional a partir de uma população sintética (DIETERS; KERR; TIER, 2004).

É importante mencionar que Bouvet, Saya e Vigneron (2009) realizaram um levantamento das estimativas de variância genética em *Pinus* e *Eucalyptus*. Em *Pinus*, em 15 dos 16 trabalhos encontrados, foi observado que a variância aditiva ($\hat{\sigma}^2_A$) foi superior à variância de dominância ($\hat{\sigma}^2_D$) para características de crescimento e de qualidade da madeira. Com *Eucalyptus*, o efeito de dominância foi mais pronunciado, sendo a relação $\hat{\sigma}^2_D / \hat{\sigma}^2_A$ maior que a unidade em oito dos dezesseis trabalhos. A relação, contudo, variou com o tipo de característica, sendo maior para características de crescimento e menor para qualidade da madeira. Segundo os autores, a preponderância da $\hat{\sigma}^2_D$ sobre a $\hat{\sigma}^2_A$ não parece ser correlacionada com os cruzamentos interespecíficos, uma vez que as estimativas de $\hat{\sigma}^2_D / \hat{\sigma}^2_A$ no cruzamento de *E. globulus* x *E. nitens* ou *E. urophylla* x *E. grandis* não são maiores que aquelas obtidas para espécies puras. Comentam também que a $\hat{\sigma}^2_D$ é particularmente expressiva em áreas marginais. Contudo, o número de resultados, além de pequeno para uma generalização, envolve, na maioria dos casos, um pequeno número de genitores.

Borralho, Costa e Silva e Potts (2004), avaliando progênies de irmãos germanos e clones derivados dessas progênies em *E. globulus*, estimaram os componentes de variância para os caracteres diâmetro e densidade básica da madeira. Relataram que a variância aditiva foi o único componente genético que afetou os caracteres. As estimativas dos efeitos aditivos, de dominância e epistáticos foram de 8% a 10%, 0% a 4% e 0,4%, para o caráter diâmetro e de 11% a 17%, 0% e 5%, para a densidade.

Com relação a outros caracteres de importância em eucalipto, pode-se destacar que, em estudo com híbridos de *E. grandis* x *E. saligna*, a proporção da

variância aditiva em relação à variância genética total foi de 100% para tolerância a doenças e forma do fuste, sendo, dessa forma, verificada herança do tipo aditiva para os caracteres (VERRYN, 2000). O mesmo autor relata herança também do tipo aditiva para tolerância ao frio e à seca.

Outro fato a ser destacado é que ganhos genéticos com o uso de híbridos dependem também da capacidade de enraizamento dos mesmos, uma vez que várias espécies de eucalipto mostram comportamento recalcitrante quando multiplicadas por propagação vegetativa. Assim, a análise de sua herança em cruzamentos interespecíficos é importante para o uso mais eficiente dos híbridos. Verryn (2000) relata que a maioria dos dados sugere herança aditiva para esse caráter. Contudo, Dungey e Potts (2004) citam a dominância parcial em direção ao parental de maior capacidade de enraizamento em F_1 de *E. torelliana* x *E. citriodora*. Já Assis (2000) relata que, na maioria dos cruzamentos recíprocos, a capacidade de enraizamento tem mostrado efeito materno.

2.3 Populações sintéticas

Populações sintéticas são populações formadas pelo intercruzamento ao acaso de um grupo de linhagens. Já compostos são populações formadas pelo intercruzamento ao acaso de um grupo de populações (BERNARDO, 2002).

A maioria dos trabalhos envolvendo a geração de populações sintéticas foi realizada com a cultura do milho. A utilização de sintéticos para aumentar a produtividade em milho foi proposta por Jones (1918) e, depois, confirmada por Hayes (1963), ambos citados por Kutka e Smith (2007). Jenkins e Sprague (1943) relataram que suas populações sintéticas não produziam mais que suas populações de polinização aberta, mas sugeriram que as populações sintéticas poderiam ser utilizadas para encontrar possíveis combinações híbridas que

superassem essas populações. Segundo Hayes et al. (1944, 1955 citados por KUTKA; SMITH, 2007), a capacidade de combinação foi ignorada neste estudo, relatando que oito sintéticos competiram igualmente com o híbrido Min-403 para a produção de grãos. Em gerações avançadas de populações sintéticas formadas por Lonnquist e McGill (1956), as produções foram de 9% a 22% maiores que as das populações de polinização aberta utilizadas como genitoras e alcançaram de 88% a 102% da produção do híbrido duplo US 13. Cordova e Marquez-Sanchez (1979) desenvolveram cinco sintéticos que produziram tão bem quanto dois híbridos duplos. Essas informações deram suporte à abordagem promovida pelo CIMMYT (1999), em formar sintéticos de alta produção, baseados em oito a dez linhagens.

Marquez-Sanchez (1979) relatou que nove linhagens formaram os sintéticos mais produtivos a partir de um dialelo parcial. O autor também reportou que Ortiz-Cereceres (1961) recomendou a utilização de oito a doze linhagens e Cordova e Marquez-Sanchez (1976), o cruzamento de cinco linhagens para a formação dos melhores sintéticos. Já Wricke e Weber (1978) fizeram cruzamentos entre dezoito linhagens de centeio e calcularam a produção dos sintéticos. Encontraram que o melhor sintético foi aquele que possuía de três a oito linhagens envolvidas na sua formação.

Um trabalho incentivando a geração de sintéticos em plantas perenes foi realizado por Dieters, Kerr e Tier (2004). Os autores, trabalhando com simulação de dados, compararam diferentes estratégias de melhoramento visando à produção de híbridos. Entre essas estratégias estavam a seleção recorrente recíproca e a geração de populações sintéticas. Os métodos foram comparados utilizando-se as mesmas populações base, equivalentes intensidades de seleção, cruzamentos padrões e várias estruturas genéticas. Os autores concluíram que, em termos de ganho por ano, a melhor estratégia foi a geração

de populações sintéticas, dando um ganho médio de 71%, considerando todas as estruturas genéticas.

Brummer (1999), trabalhando com espécies forrageiras, apontou que uma das maiores razões para o baixo incremento da produtividade nessas culturas é que os melhoristas ainda desenvolvem populações sintéticas segundo o método tradicional, no qual se cruzam todos os genótipos selecionados, onde somente a capacidade geral de combinação é efetivamente explorada. Diante desse problema, Tamaki et al. (2007) propuseram a geração de uma população sintética modificada, na qual apenas dois genótipos são cruzados de cada vez para a formação da população sintética, explorando tanto a capacidade geral como a capacidade específica de combinação. Em forrageiras, dos quinze sintéticos gerados por esse método, apenas dois superaram a média para produção, quando se comparou com o sintético produzido pela forma convencional.

A geração de populações sintéticas, envolvendo duas ou mais espécies, é uma possibilidade que se tem mantido inexplorada na cultura do eucalipto. Do ponto de vista teórico, esta estratégia parece levar a maiores ganhos anuais, embora explore apenas os componentes aditivos da variância genética. Esse método tem sido tratado com bastante reserva, principalmente devido à baixa previsibilidade da descendência (por acumulação de problemas genéticos) e à perda de variabilidade da população de melhoramento (BORRALHO, 2007). Apesar disso, o autor reconhece que esses receios têm pouca fundamentação empírica e afirma que são necessários estudos mais sistemáticos para demonstrar a sua real importância.

2.4 Simulação computacional no melhoramento genético de plantas

A simulação, de acordo com Dachs (1988), consiste em imitar, por meio de um programa de computador, o comportamento de um sistema real, para estudar seu funcionamento sob condições alternativas. Diante deste conceito, depreende-se que a simulação viabiliza a extração de informações importantes, com baixo custo e rapidez, mediante alterações de interesse nos fatores envolvidos no fenômeno em estudo (FERREIRA, 2001).

Os primeiros indícios de simulação de dados surgiram com a utilização do Método Monte Carlo, por Von Neuman, em 1940, com blindagem de reatores nucleares (MORGAN, 1995). O uso da simulação é muito amplo, podendo ser aplicado em áreas estratégicas, como a medicina e a agricultura. Diversos aplicativos são utilizados para realizar simulação na área da genética e melhoramento de plantas, como Diallel (BUROWS; COORS, 1994), Mendel (EUCLYDES, 1996), QU-GENE (COOPER; PODLICH, 1998), GENES (CRUZ, 1998) e GQMOL (UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA, MG-UFV, 2004).

Primordialmente, para realizar simulações, há a necessidade de se formular modelos matemáticos que descrevam adequadamente o comportamento dos eventos reais em estudo (MOOD et al., 1974, citado por NUNES, 2006). Esses modelos necessitam ser suficientemente simples para permitirem a operacionalização, na forma de algoritmos, e a interpretação de forma adequada (CRUZ, 2001). Neste aspecto, surge, em muitos casos, uma desvantagem nos modelos simulados no que se refere à simplificação das pressuposições (STAM; VAN OEVEREN, 1992; WANG et al., 2003). Por outro lado, esses modelos permitem a variação nos valores assumidos pelos parâmetros, de tal forma que uma amplitude realística de fatores pode ser facilmente testada e, mais importante, o efeito relativo destes fatores sobre os resultados da seleção pode

ser estudado (STAM; VAN OEVEREN, 1992). No campo da genética e melhoramento de plantas, os modelos são inerentemente probabilísticos por envolverem variáveis de natureza aleatória (FERREIRA, 2001).

A simulação é uma das áreas em que mais se utiliza a geração de números aleatórios na atualidade. Como a maioria dos problemas em genética e melhoramento de plantas tem natureza aleatória, na simulação de sistemas genéticos, a geração de números aleatórios adquire fundamental importância. Inúmeros programas de computador, linguagens de programação e compiladores têm rotinas prontas para a geração de números aleatórios. Esses números são gerados em uma sequência que só se repete após um ciclo superior à ordem dos trilhões de algarismos. Dessa forma, os números gerados são pseudoaleatórios. Para fins práticos, uma vez que a sequência completa (ciclo) jamais será utilizada, esses números comportam-se como genuinamente aleatórios (FERREIRA, 2001).

A partir da geração de números com distribuição uniforme entre 0 e 1, U(0,1), é possível gerar variáveis aleatórias que sigam qualquer distribuição de probabilidade. Densidades mais complexas requerem a obtenção analítica de sua função de distribuição e da inversa da função de distribuição de probabilidades (FERREIRA, 2001). Em suma, todo processo simulado que envolve um componente aleatório de qualquer distribuição é considerado como pertencente ao Método Monte Carlo. A única restrição para o uso desse método é a sua impraticabilidade para distribuições cuja função distribuição seja desconhecida ou cuja inversa não seja possível pela não existência de algoritmos numéricos.

Um aspecto que deve ser considerado é a eficiência do processo de simulação. Como toda técnica, cuidados devem ser tomados para evitar erros devidos a problemas amostrais, escolha inadequada das distribuições de probabilidade nos eventos de natureza aleatória, simplificação inadequada da realidade e erros de implementação do sistema simulado. Para isso, o

programador deve utilizar os processos de validação, fazendo com que o sistema simulado possa operar nas condições do sistema real e verificar, por meio de testes de hipóteses e outras análises estatísticas, se os resultados observados na simulação condizem com os do sistema real (FERREIRA, 2001).

De acordo com Ferreira (2001), no melhoramento de plantas, o uso da simulação é justificado quando: (a) as soluções analíticas não existem ou o grau de dificuldade e o número de variáveis envolvidas não permitem a realização de inferências adequadas sobre o problema; (b) pretende-se comparar a eficiência de um novo procedimento ou técnica em relação a outros já existentes e até mesmo consagrados e (c) os métodos que são rotineiramente empregados em algumas etapas de um programa de melhoramento podem ser melhorados para propiciarem qualquer aumento de sua eficiência.

Os primeiros trabalhos utilizando simulação na genética foram realizados por Fraser, em 1957 (GURGEL, 2004). A partir disso, a simulação tem tido grande aplicabilidade nas pesquisas de genética e melhoramento de plantas, contribuindo de forma substancial para a resolução e ou a elucidação de problemas complexos. Como exemplos, citam-se estudos avaliando a seleção recorrente (VIANA, 2007), a determinação do número e do tamanho de famílias a serem avaliadas (BANNEROT; FOUILLOUX, 1988; FERREIRA et al., 2000; GURGEL, 2004; LEITE et al., 2009; SILVA, 2009), a eficiência de dialelos circulantes na escolha de genitores (VEIGA et al., 2000), a comparação de estratégias de melhoramento (DIETERS; KERR; TIER, 2004; FERREIRA; NUNES; RAMALHO, 2008) e a eficiência de delineamentos (BARBOSA; PETERNELLI; SOUZA, 2006), dentre várias outras aplicações.

Viana (2007), estudando a seleção recorrente em milho, analisou os ganhos genéticos teóricos como resultado da seleção entre famílias de irmãos completos e de meios-irmãos, obtidas pelos delineamentos I de Comstock e Robinson (1948), de irmãos germanos e de meios-irmãos, a variabilidade

genotípica e a perda de genes com a seleção recorrente em longo prazo. Os delineamentos foram avaliados por simulação, com base nos ganhos médios estimados após dez ciclos de seleção. O processo de simulação considerou sete sistemas gênicos com dez genes (com distintos graus de dominância), três classes de populações (com diferentes frequências alélicas), sob três condições ambientais (valores de herdabilidade) e quatro estratégias de seleção. Cada combinação foi repetida dez vezes, totalizando 25.200 simulações. O autor concluiu que a seleção entre famílias de irmãos germanos é, geralmente, mais eficiente do que a seleção com base em progênies de meios irmãos e que empregar famílias de irmãos germanos obtidas pelo delineamento I é, geralmente, mais eficiente que usar progênies derivadas do delineamento de irmãos germanos.

Estratégias experimentais podem ser avaliadas também por simulação. Entre os melhoristas de plantas autógamas há muita divergência sobre o número de famílias a serem obtidas em seus programas de melhoramento. Segundo Ramalho (2003), alguns, especialmente os que conduzem programas pequenos de melhoramento, optam por obter poucas populações, de genitores bem escolhidos e avaliar o maior número possível de famílias de cada população. Já outros obtêm algumas dezenas de populações e avaliam um pequeno número de famílias de cada uma.

Estudos por meio de simulação computacional visando à obtenção de informações a respeito do número ideal de famílias foram realizados em feijão comum (BANNEROT; FOUILLOUX, 1988). Foi mostrado que existe pequena vantagem quando se utiliza um número relativamente grande de famílias, 500, por exemplo, em relação a 50. Embora os resultados não deixem dúvida, a principal restrição foi considerar a herdabilidade igual a 100%, o que, para a maioria dos caracteres de importância econômica, não ocorre. Ferreira et al. (2000) simularam amostras de diferentes números de famílias. Constataram que,

se o número de famílias fosse inferior a 100, em várias situações a herdabilidade seria nula e o melhorista não teria nenhum ganho com a seleção.

Gurgel (2004) também utilizou a simulação visando obter informações a respeito do número de famílias que devem ser manuseadas para se ter mais sucesso no melhoramento genético de autógamas. No processo foram implementados dois aplicativos computacionais em ambiente de programação Delphi em que foram simuladas várias configurações. Na primeira alternativa de simulação, foram considerados valores de herdabilidade, número de locos segregantes em F_2 e número de indivíduos na geração infinito, totalizando 330 casos, tendo cada caso sido simulado 75.000 vezes. Na segunda alternativa de simulação, consideraram-se apenas os valores de herdabilidade e o número de indivíduos da geração infinito, totalizando 88 casos, em que cada caso foi simulado 50.000 vezes. O autor concluiu que: (a) na determinação do número ideal de famílias a serem avaliadas no processo seletivo deve-se considerar a herdabilidade do caráter; (b) para se obter um valor genotípico médio em torno de 1,1 desvio padrão fenotípico acima da média da população selecionada, são necessárias 5.000 linhagens para uma $h^2 = 0,3$ e 10 linhagens para $h^2 = 0,7$ e (c) se o caráter apresentar herdabilidade inferior a 0,3, será necessário um maior número de linhagens para se ter alta probabilidade de obter uma linhagem com um valor genotípico médio superior à média da população.

Silva (2009) verificou o efeito da amostragem e da seleção natural no método *bulk* em plantas autógamas, simulando várias configurações considerando as gerações F_4 e F_{24} e as famílias $F_{4:5}$, $F_{4:6}$ e $F_{24:25}$. Os efeitos no número médio, mínimo e máximo de locos favoráveis, da variância genética e do número de alelos favoráveis, foram mensurados ao longo das 1.000 simulações de cada configuração. As simulações contemplaram diferentes herdabilidades, interações alélicas e número de locos. Já o efeito da amostragem foi avaliado utilizando diferentes tamanhos de *bulk* (50, 200, 1.000, 2.000 e

5.000 indivíduos). Duas situações foram contempladas, uma em que o valor adaptativo mínimo variava de 20% a 100% o número de indivíduos e outra em que o número de indivíduos era igual. O autor concluiu que, na determinação do número de indivíduos no método *bulk*, deve-se considerar a herdabilidade do caráter; o *bulk* de 2.000 indivíduos nas condições simuladas mostrou-se igualmente eficiente ao de 5.000 indivíduos e que a seleção natural só resulta em ganho com *bulks* superiores a 1.000 indivíduos.

Leite et al. (2009), com o objetivo de determinar o número mínimo de plantas por parcela a ser amostrado em experimentos de famílias de irmãos germanos em cana-de-açúcar, para possibilitar a estimação eficiente de parâmetros genéticos e fenotípicos para características de produção, avaliaram 18 famílias de irmãos germanos, em delineamento de blocos casualizados, composto por seis repetições e 20 plantas por parcela. Os autores determinaram o tamanho da amostra com o uso de técnicas de reamostragem com reposição, com posterior estimação dos parâmetros genéticos e fenotípicos com o auxílio de simulação. As estimativas do tamanho da amostra variaram de acordo com a variável e o parâmetro avaliado. Concluíram que o método da reamostragem foi eficiente para comparar os efeitos do tamanho da amostra na estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos e que uma amostra de 16 plantas por parcela, ou seja, 96 indivíduos por família, seria suficiente para obter estimativas fidedignas de todos os parâmetros avaliados em todas as variáveis consideradas.

Outra vertente em que as simulações têm sido utilizadas é nos cruzamentos dialélicos. Na maioria das situações é impossível obter todas as combinações híbridas. Assim, a simulação torna-se a principal alternativa para se identificar os possíveis genitores e/ou populações segregantes, bem como comparar métodos de cruzamentos dialélicos. Em um desses trabalhos, Veiga et al. (2000) avaliaram a eficiência de dialelos circulantes em relação aos completos, nas estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) e da

capacidade específica de combinação (CEC). Foram simuladas 50 linhagens com 100 genes com distribuição independente, efeitos iguais, sem epistasia. Consideraram-se herdabilidades de 10%, 20%, 50% e 75%, em modelos com interação alélica aditiva e dominância completa. Utilizaram-se também dados disponíveis na literatura, ambos comparados por meio de correlação entre estimativas de CGC e CEC, e proporções de estimativas nos circulantes que ocorreram nos intervalos de confiança dos completos. Os resultados permitiram concluir que: os dialelos circulantes são tão eficientes quanto os completos, tanto na classificação dos genitores quanto à CGC e à CEC, como na magnitude desses parâmetros; o número de cruzamentos afeta as estimativas da CGC e CEC, embora com valor pequeno de **s** (número de combinações híbridas de cada genitor) seja possível obter boa concordância com as estimativas obtidas nos dialelos completos e, com baixa herdabilidade, é vantajoso aumentar o número de cruzamentos de cada genitor, embora, com a metade do número de genitores envolvidos, já se consiga alta eficiência nos dialelos circulantes.

O método de melhoramento a ser adotado é um assunto que gera bastante polêmica entre os melhoristas. Comparações teóricas por meio de modelos matemáticos são extremamente difíceis de serem realizadas pela complexidade da situação e número de parâmetros envolvidos no processo. Situações como estas podem ser comparadas utilizando-se aproximações por simulação computacional.

Ferreira, Nunes e Ramalho (2008) realizaram estudo com o objetivo de avaliar a eficiência do método *pedigree* pela inclusão da informação de parentesco entre as progênies a partir da genealogia e, ainda, compará-lo com o método *bulk* via simulação computacional e em experimentos de campo. Nas simulações, assumiu-se um modelo genético com 20 locos segregantes, não ligados, de efeitos iguais e aditivos e com frequência alélica 0,5. Para as configurações avaliadas, foram considerados valores de herdabilidade no sentido

amplo na média das progênies de 10%, 25%, 50% e 75% e grau médio de dominância de zero, 0,5 e 1,0. Foram simulados 1.000 experimentos, para cada configuração e método de condução, referentes à avaliação de 256 progênies $F_{4:5}$. Nos experimentos de campo, com a cultura do feijoeiro, foram avaliadas 256 progênies $F_{4:5}$ na safra das águas 2004/2005 e as correspondentes 256 progênies $F_{4:6}$ na safra das secas 2005, sendo estas oriundas dos métodos genealógico e *bulk*. Os autores concluíram que, utilizando-se o método *pedigree*, considerando a genealogia entre as progênies por meio do procedimento $BLUP_A$, os ganhos seletivos são superiores aos alcançados quando esta informação é ignorada, de forma a compensar o trabalho despendido na obtenção desses registros, sobretudo, para caracteres de herdabilidade baixa. Concluíram também que os métodos genealógico e *bulk*, nas condições simuladas, mostraram-se igualmente eficientes para a obtenção de genótipos superiores. Contudo, quando a informação da genealogia foi considerada, o método *pedigree* apresentou ganhos ligeiramente superiores.

Com o objetivo de comparar a eficiência relativa da seleção inicial e a estimação de parâmetros genéticos, Barbosa, Peternelli e Souza (2006), por meio de simulação, avaliaram os delineamentos: blocos aumentados (DBA), blocos aumentados com duas repetições (DBAD) e grupo de experimentos em blocos casualizados com tratamentos comuns (EBCTC), considerando o modelo com efeitos fixos e o modelo misto, com tratamentos regulares aleatórios. Trabalharam com oito diferentes condições com 600 simulações de cada, avaliando a porcentagem média de coincidência, a estimativa da correlação de Pearson entre as médias ajustadas para o modelo de efeitos fixos e a estimativa da herdabilidade para o modelo misto. Concluíram que o DBAD e o EBCTC foram bastante similares em suas comparações e pouco melhores que o DBA e que nenhum dos delineamentos foi eficaz em estimar a herdabilidade nos diferentes cenários avaliados.

3 MATERIAL E MÉTODOS

Para determinar o número de genitores na geração de populações sintéticas em eucalipto, foram utilizados métodos de simulação Monte Carlo, com o auxílio do programa R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2010), usando linguagem matricial. Nas simulações, foram considerados caracteres genéricos, seis classes de população base, quatro condições ambientais e dois tamanhos de populações sintéticas. O número de genes envolvidos no controle genético dos caracteres em todas as situações foi fixado em 100, considerados independentes, ou seja, sem ligação. Não foram consideradas interações epistáticas.

Foram realizadas 1.000 simulações Monte Carlo (NSMC = 1000) de cada configuração envolvendo as combinações dos fatores estudados. De cada população sintética formada nessas simulações, foram tomadas estatísticas descritivas relativas à proporção de alelos favoráveis em relação ao número total de alelos. Da distribuição das 1.000 simulações de cada sintético, também foram obtidas estatísticas descritivas.

O processo de simulação foi dividido em duas etapas. A primeira consistiu da obtenção da população base e da seleção fenotípica dos indivíduos. A segunda etapa foi delineada para a geração da população sintética envolvendo os indivíduos selecionados na primeira etapa que, nesse caso, foram utilizados como genitores. Essas etapas serão descritas nas subseções seguintes.

3.1 Obtenção da população base

Para a simulação da população base foi considerado um caráter com g = 100 genes independentes, em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Assim, para cada gene, tem-se:

Genótipo	***Freqüência na população***	***Valor genotípico***
BB	p^2	*a*
Bb	*2pq*	*d*
bb	q^2	*-a*

Nesse caso, o *B* é o alelo favorável e não o alelo dominante, e o *b* o desfavorável à expressão do caráter de interesse. Foram consideradas interações alélicas de dominância completa ou de dominância parcial igualmente para todos os genes. Sem perda de generalidade, o valor aditivo *a* foi fixado em 1 para todos os genes. No caso de dominância completa $d = 1$, e no caso de dominância parcial foi considerado o valor de $d = 0{,}5$. Não foram consideradas interações epistáticas.

Para cada indivíduo *i* da população base ($i = 1, 2, ..., N$, sendo N o tamanho dessa população), se for considerado que o mesmo possui g_1 locos do tipo *BB*, g_2 do tipo *Bb* e g_3 do tipo *bb*, então o valor genotípico G_i desse indivíduo será:

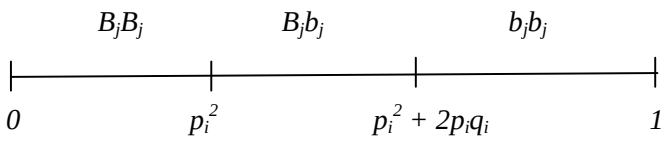
$$G_i = g_1a + g_2d + g_3(-a), \qquad (1)$$

sendo $g = g_1 + g_2 + g_3 = 100$.

A frequência *p* dos alelos favoráveis foi fixada em 0,2 e 0,9, na média dos $g = 100$ genes considerados. Logo, para cada gene de cada indivíduo da população base, a frequência do alelo favorável variava em torno desse valor médio, seguindo uma distribuição beta. Assim, 100 realizações de uma

distribuição beta com parâmetros $\alpha = 2$ e $\beta = 8$ para $p = 0{,}2$ e $\alpha = 9$ e $\beta = 1$ para $p = 0{,}9$ foram simuladas, utilizando-se a função *rbeta* do programa R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2010). Essas duas situações ($p = 0{,}2$ e $p = 0{,}9$) foram consideradas separadamente, simulando-se populações base pouco melhoradas ($p = 0{,}2$) e populações base bastante melhoradas ($p = 0{,}9$).

Para simular o genótipo dos indivíduos, considerando os $g = 100$ genes, o modelo de Hardy-Weinberg e as frequências dos alelos favoráveis p_j, $j = 1, 2, ..., g$, o seguinte procedimento foi adotado. Considerando o indivíduo i da população base e o gene j, foi gerada uma realização u de um número aleatório uniforme U (0,1) usando a função *runif* do programa R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2010). A decisão de qual deveria ser o genótipo do indivíduo i foi tomada confrontando-se o valor u simulado com a seguinte escala:



Se o valor u estivesse entre 0 e p_i^2, o genótipo do indivíduo i para o j-ésimo gene seria B_jB_j. Se o valor estivesse entre p_i^2 e $p_i^2 + 2p_iq_i$, o genótipo seria B_jb_j, e se estivesse entre $p_i^2 + 2p_iq_i$ e 1, o genótipo seria b_jb_j. O processo foi repetido para os g genes dos N indivíduos até o tamanho final da população base ser atingido. Três tamanhos distintos da população base foram considerados, quais sejam, $N = 2000$, 5000 e 8000 indivíduos.

De posse do genótipo do indivíduo i, o seu valor genotípico foi calculado usando a expressão (1). Em seguida, os valores fenotípicos dos indivíduos da população base foram computados utilizando o seguinte modelo:

$$F_i = \mu + G_i + \varepsilon_i, \qquad (2)$$

em que μ foi considerado igual a zero, sem perda de generalidade e ε_i correspondeu ao erro associado ao i-ésimo indivíduo, considerado normal com média zero e variância σ_e^2.

A magnitude de σ_e^2 dependeu da herdabilidade (h^2) que foi fixada em 0,1 (baixa), 0,5 (intermediária), 0,9 e 1 (altas). Para cada situação considerada, o valor de σ_e^2 foi obtido da relação:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2}$$

em que σ_g^2 é a variância genética da população base. Assim, a variância ambiental foi dada por:

$$\sigma_e^2 = \frac{\sigma_g^2(1 - h^2)}{h^2}$$

A variância genética da população base foi dada por:

$$\sigma_g^2 = \sum_{j=1}^{g} \left[a_j^2\left(p_j^2 + q_j^2\right) + 2p_j\, q_j a_j^2\right]$$

As realizações dos erros normais ε_i foram simuladas utilizando-se a função *rnorm* do programa R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2010). Os valores obtidos foram adicionados aos valores genotípicos dos indivíduos de acordo com o modelo (2), resultando nos valores fenotípicos F_i. No caso de h^2 = 1, os valores fenotípicos igualaram-se aos valores genotípicos, ou seja, $F_i = G_i$.

Esses valores fenotípicos foram ordenados e os *s* indivíduos correspondentes aos *s* maiores valores fenotípicos foram utilizados como genitores para a geração das populações sintéticas. Foram considerados valores de *s* iguais a 2, 4, 8, 16, 32 e 64 indivíduos.

3.2 Geração das populações sintéticas

A partir dos *s* indivíduos selecionados na população base obtida na seção 3.1, foram simuladas as populações sintéticas de tamanho *n*, sendo *n* = 2.016 e 8.064 indivíduos. Da mesma população base foram obtidas as populações sintéticas geradas a partir do cruzamento dos *s* = 2 indivíduos com maiores valores fenotípicos, dos *s* = 4 indivíduos com maiores valores fenotípicos, e assim sucessivamente, até os *s* = 64 indivíduos com maiores valores fenotípicos. Essas populações sintéticas foram geradas de forma independente. Como cada configuração foi repetida 1.000 vezes, cada população sintética advinda de cada um dos valores de *s* foi obtida 1.000 vezes, ou seja, foram obtidas 6.000 populações sintéticas para cada configuração. Como foram simuladas 96 configurações, um total de 576.000 populações sintéticas foi gerado.

Para a geração de uma população sintética utilizando *s* genitores, procedeu-se da seguinte maneira. Dois genitores eram sorteados ao acaso entre os *s* candidatos e um descendente era gerado, também ao acaso, desse cruzamento, respeitando a segregação correspondente à constituição genotípica de cada um dos *g* genes. Esse processo foi repetido *n* vezes, até a formação da população sintética. Dessa forma, esperou-se que todos os pares de cruzamentos (C_s^2) tivessem a mesma probabilidade de estarem representados no sintético e que o número de descendentes de cada um desses cruzamentos fosse aproximadamente o mesmo para todos os pares. O tamanho do sintético de 2.016 indivíduos foi escolhido como tamanho mínimo em razão do número de cruzamentos tomados 2 a 2 com 64 genitores (*s* máximo) ser igual a 2.016. Com isso, espera-se que cada cruzamento tenha, em média, uma chance de acontecer nas 2.016 simulações (média da binomial). Para ilustrar esse processo, um esquema com *s* = 2 e *s* = 4 genitores foi apresentado na Figura 1.

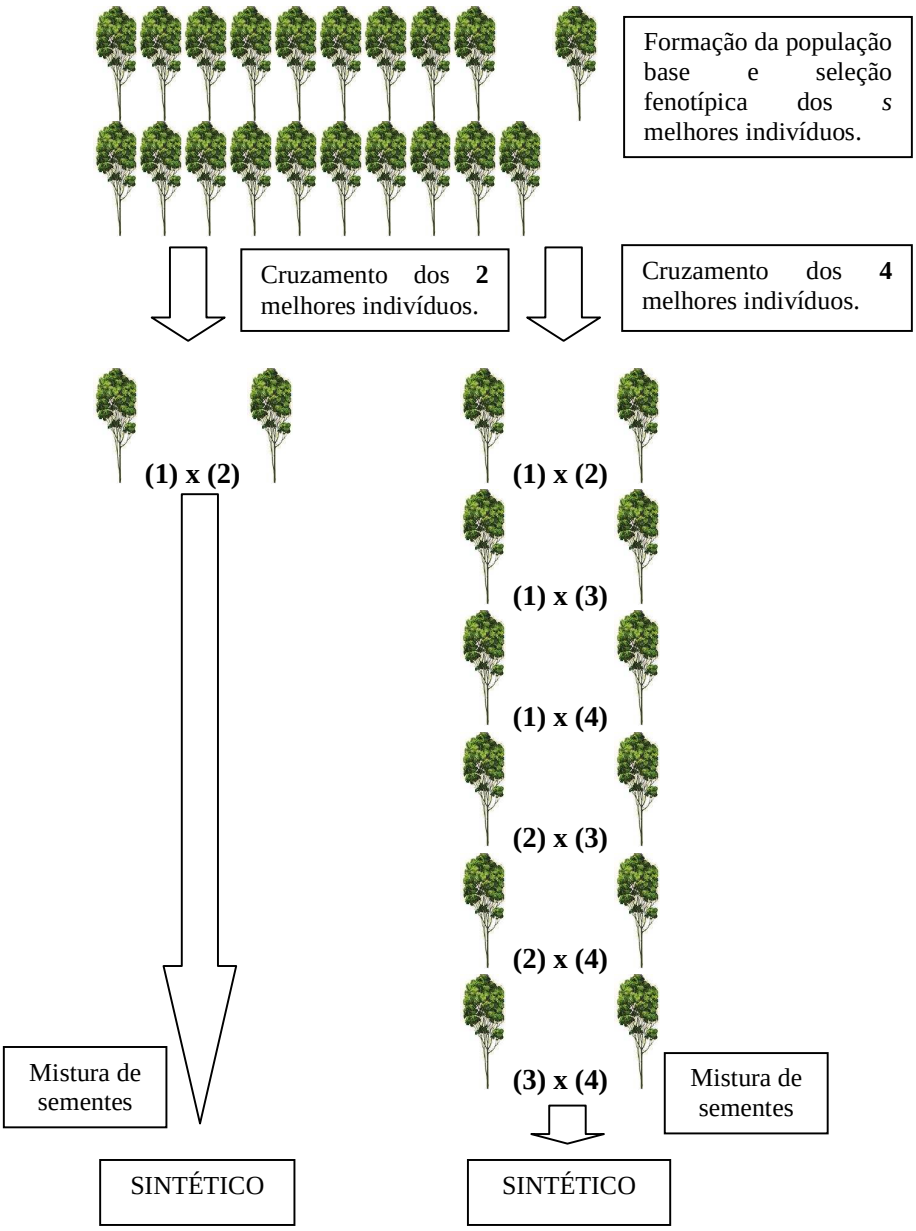


Figura 1 Esquema para a formação das populações sintéticas, utilizando dois e quatro genitores (*s*).

3.3 Estatísticas descritivas

As estatísticas descritivas foram obtidas em duas fases distintas. Na primeira fase, considerou-se cada sintético individualmente e, na segunda fase, os resultados de todas as 1.000 simulações Monte Carlo. Para todas as estatísticas descritivas calculadas, utilizou-se a proporção de alelos favoráveis em relação ao total de alelos (2*g*), como variável resposta. A partir do genótipo de cada indivíduo, em um dado sintético simulado, considerando ainda uma configuração específica, foi computada, inicialmente, a proporção de alelos favoráveis (*PAF*) pela seguinte expressão:

$$PAF_i = \frac{2g_{1i} + g_{2i}}{2g} x100$$

em que PAF_i é a proporção de alelos favoráveis do i-ésimo indivíduo do sintético, g_{1i} é o número de genes do tipo homozigoto favorável (*BB*) do i-ésimo indivíduo, g_{2i} é o número de genes com genótipo em heterozigose (*Bb*) do i-ésimo indivíduo e *g* o número de genes, sendo *i* = 1, 2, 3, ..., *n* e *g* = 100.

Ao final do processo, um total de *n* valores da *PAF* foi obtido. Considerando uma população de sintético simulada, as seguintes estatísticas descritivas foram calculadas. Inicialmente, foi obtida a média aritmética desses *n* valores, pela seguinte expressão:

$$\overline{PAF} = \frac{\sum_{i=1}^{n} PAF_i}{n}$$

Posteriormente, o coeficiente de variação (CV_{PAF}) foi calculado por:

$$CV_{PAF} = \frac{\sigma_{PAF}}{\overline{PAF}} X100$$

em que σ_{PAF} é o desvio padrão dos valores da *PAF*.

Finalmente, os valores mínimos e máximos foram estimados por:

$PAF_{mín.} = mín. (PAF_1, PAF_2, ..., PAF_n)$ e

$PAF_{máx.} = máx. (PAF_1, PAF_2, ..., PAF_n)$.

Os valores das estatísticas descritas anteriormente das 1.000 simulações Monte Carlo de cada configuração foram armazenados e, ao final, as estatísticas descritivas, média e coeficiente de variação, foram calculadas a partir dessa distribuição. Nessa etapa, o objetivo foi obter as principais características da distribuição da proporção de alelos favoráveis.

3.4 Ganhos esperados com a seleção nas populações sintéticas

Para se estimar os ganhos genéticos quando se realizava a seleção de 1% e 5% dos indivíduos superiores nas populações sintéticas, obtidas a partir de *s* genitores, utilizou-se a seguinte expressão (FALCONER; MACKAY, 1996):

$$GES = i\sigma_{PAF} h^2$$

em que:

GES: ganho esperado com a seleção;

i: intensidade de seleção estandardizada, obtida na tabela de Fisher e Yates (1971);

σ_{PAF}: desvio padrão da proporção de alelos favoráveis;

h^2: herdabilidade.

3.5 Número ideal de genitores

Para a determinação do número ideal de genitores foi adotado o critério de estabilização do ganho esperado com a seleção (GES) com o aumento do número de genitores (*s*) utilizados na formação dos sintéticos. Para se avaliar esse ponto de estabilização, foi utilizado o ajuste de um modelo linear com platô bissegmentado. A função dos segmentos linear e platô (linha reta paralela à abscissa) foi um parâmetro a ser estimado e denotado por s_0, indicando esse

ponto de estabilização. Assim, as estimativas de s_0 foram consideradas como critério objetivo do número ideal de genitores.

Portanto, dados os valores de s e do GES, determinados na média das 1.000 simulações Monte Carlo, o seguinte modelo linear com platô foi ajustado:

$$\text{GES} = \begin{cases} a + bs & se\ s \leq s_0 \\ P & se\ s > s_0 \end{cases}$$

em que GES é a variável dependente; P é o platô (ponto de estabilização em relação ao GES) e s_0 o parâmetro que indica a função do segmento linear e o platô.

Esse modelo foi ajustado utilizando métodos de mínimos quadrados para modelos não-lineares por intermédio do método de Gauss-Newton modificado. Os ajustes foram realizados utilizando o *proc nlin* do programa SAS® (SAS INSTITUTE, 2000), de acordo com os métodos e as rotinas descritos em Ferreira (2007).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Em razão da grande quantidade de resultados e da constatação de que parte deles se assemelhava bastante, optou-se por subdividir essa seção em três partes. Na primeira, os resultados para herdabilidade igual a 10% foram apresentados e, na segunda, para herdabilidade igual a 100%. Na terceira parte, foram realizadas algumas considerações gerais a respeito dos resultados obtidos.

As mesmas simulações realizadas para h^2 = 0,1 foram feitas com h^2 igual a 0,5 e 0,9 e 1, sendo os resultados muito similares em termos de padrão de resposta. Isso quer dizer que as conclusões obtidas para h^2 = 0,1 são válidas para h^2 = 0,5, 0,9 e 1. Por essa razão, os resultados para h^2 = 0,5 e 0,9 e parte dos resultados para h^2 = 1 não foi apresentada. Da mesma forma, também detectado o mesmo padrão de resposta em relação aos tamanhos da população base, os resultados para N = 5000 também não foram apresentados.

O foco da discussão foi no efeito do número de genitores utilizados na obtenção dos sintéticos em relação à proporção de alelos favoráveis. Foram considerados outros fatores, tais como, tamanho do sintético, tamanho da população base, frequência de alelos favoráveis na população base e interações alélicas de dominância completa e parcial, na ausência de epistasia e ligação.

4.1 Efeito do número de genitores na geração do sintético para herdabilidade igual a 10% (h^2 = 0,1).

Na Tabela 1 estão apresentados os resultados das simulações das populações sintéticas em relação à proporção de alelos favoráveis em 1.000 simulações Monte Carlo. Os resultados para h^2 = 0,1, p = 0,2 e tamanho da população base N = 2000 estão em função do tamanho do sintético (n), do

número de genitores (*s*) e das interações alélicas de dominância completa e parcial. De cada sintético foram obtidos a média, o coeficiente de variação (CV), o mínimo e o máximo. Os valores médios dos 1.000 sintéticos em relação a cada uma dessas quantidades foram computados. Obtiveram-se também os coeficientes de variação da média (CV*) para todas as configurações estudadas.

Os tamanhos das populações sintéticas (*n*) foram de 2.016 e 8.064. Considerando o mesmo valor de *s*, pode-se observar que as médias da proporção de alelos favoráveis e os valores do CV praticamente não se alteraram quando se passou do menor tamanho para o maior, independente do grau médio de dominância.

Por outro lado, a amplitude entre os valores máximo e mínimo, em relação à proporção de alelos favoráveis, aumentou com a elevação do tamanho da população sintética, fixado um determinado valor de *s*. Portanto, espera-se maior probabilidade de se obter um indivíduo superior, ou seja, com maior proporção de alelos favoráveis em sua constituição genotípica, em sintéticos maiores, o que já era esperado. Em relação às quantidades básicas, média e CV, fixado o valor de *s*, as populações sintéticas de tamanho 2.016 e 8.064 são praticamente idênticas. Entretanto, os indivíduos com valores mais extremos são mais prováveis nos sintéticos maiores.

O efeito da interação alélica, quando se passa de dominância completa para dominância parcial, é de provocar um pequeno aumento na média da proporção de alelos favoráveis do sintético, fixados *s* e *n*. Entretanto, o efeito na variabilidade, medido pelo coeficiente de variação (CV) e pela amplitude (A), tende a ser reduzido. Isso já era esperado, pois o valor de *d* contribui para as variâncias genéticas aditiva e de dominância. Assim, quanto menor for o seu valor, menor será a variabilidade do sintético.

O efeito do número de genitores (*s*) para gerar o sintético mostrou que, quando fixado *n*, para uma dada situação de interação alélica, verificou-se que

houve redução na média com o aumento de *s*. Em termos percentuais, essa redução girou em torno de 3,7%, quando se considerou um aumento de *s* = 2 para *s* = 64 genitores.

Por outro lado, o efeito do aumento de *s* provocou elevação na variabilidade. O CV aumenta de um valor que gira em torno de 8,6% para um valor em torno de 12%, considerando as diferentes configurações apresentadas na Tabela 1, quando se aumenta o *s* de 2 para 64. Assim, sintéticos com 64 genitores são bem mais variáveis que sintéticos com dois genitores. Entretanto, os sintéticos com 64 genitores têm médias menores. Isso ocorre uma vez que os 64 indivíduos selecionados na população base, potencialmente, têm menor proporção de alelos favoráveis concentrados nos mesmos, mas, provavelmente, possuem maior variabilidade quando são considerados os seus cruzamentos dois a dois. Essa situação, guardadas as devidas proporções, é semelhante às situações em que os melhoristas intercruzam genitores adaptados com genitores não adaptados. As populações geradas desses cruzamentos têm grande variabilidade, mas, em geral, têm menores médias, em virtude da introdução de alelos desfavoráveis, presentes nos genitores não adaptados.

O efeito do aumento de *s* na amplitude foi similar ao observado para o coeficiente de variação. O que aconteceu, entretanto, é que houve um aumento da magnitude do efeito quando se partiu de *s* = 2 para *s* = 64 genitores, quando comparado ao efeito no CV.

Tabela 1 Médias, ao longo de 1.000 simulações Monte Carlo, da proporção média de alelos favoráveis, do coeficiente de variação, do mínimo e do máximo da proporção de alelos favoráveis, considerando dominância completa (*d* = 1) e dominância parcial (*d* = 0,5), de populações sintéticas contendo *n* = 2.016 e 8.064 indivíduos, geradas a partir de *s* genitores, selecionados a partir de uma população base de 2.000 indivíduos e frequência alélica favorável de 0,2, para um caráter de herdabilidade 0,1.

n	**s**	**Parâmetros**	**d= 1**					**d= 0,5**				
			Média (CV)*	**CV**	**Mín.**	**Máx.**	**A****	**Média (CV)**	**CV**	**Mín.**	**Máx.**	**A**
2016	2	Média	22,45 (11,08)	8,74	15,87	29,05	13,18	22,71 (10,57)	8,57	16,18	29,24	13,06
	4		22,31 (9,44)	10,41	14,85	29,92	15,07	22,62 (8,92)	10,23	15,20	30,26	15,06
	8		22,12 (8,52)	11,23	14,15	30,44	16,29	22,43 (8,32)	10,98	14,56	30,66	16,10
	16		21,96 (8,09)	11,60	13,82	30,57	16,75	22,27 (7,91)	11,41	14,12	30,90	16,78
	32		21,80 (7,79)	11,84	13,44	30,69	17,25	22,08 (7,72)	11,67	13,78	30,96	17,18
	64		21,60 (7,77)	12,02	13,18	30,69	17,51	21,86 (7,69)	11,87	13,43	30,87	17,44
8064	2	Média	22,48 (10,67)	8,73	15,23	29,70	14,47	22,59 (10,69)	8,62	15,38	29,80	14,42
	4		22,42 (9,37)	10,31	14,29	30,81	16,52	22,44 (8,98)	10,26	14,38	30,81	16,43
	8		22,22 (8,62)	11,13	13,59	31,26	17,67	22,30 (8,37)	11,05	13,70	31,34	17,64
	16		22,03 (8,20)	11,61	13,08	31,52	18,44	22,13 (8,20)	11,48	13,23	31,60	18,37
	32		21,84 (7,89)	11,89	12,69	31,67	18,98	21,96 (7,91)	11,75	12,88	31,73	18,85
	64		21,66 (7,77)	12,03	12,37	31,68	19,31	21,74 (7,78)	11,93	12,53	31,66	19,13

*Coeficiente de variação da média de alelos favoráveis, ao longo das 1.000 simulações Monte Carlo; **Amplitude.

Outro aspecto refere-se ao coeficiente de variação do valor médio de cada sintético (CV*), fixada uma determinada configuração, em relação aos 1.000 sintéticos simulados. Esse CV* indica a concentração dos valores da distribuição Monte Carlo da média da proporção de alelos favoráveis em torno da média geral das 1.000 simulações. O que se percebe é que quanto maior for o número de genitores na formação do sintético, menor é o CV*. Isso indica que quanto mais genitores houver, mais estáveis serão os sintéticos em termos de previsibilidade de seu valor médio em relação ao valor esperado (média das 1000 simulações). Uma possível explicação para isso seria fornecida pelo efeito homeostático.

Assim, o que tem que ser buscado é um equilíbrio entre o decréscimo na média e o aumento da variabilidade. O ganho esperado com a seleção reflete exatamente isso. Buscou-se, então, esse equilíbrio realizando a análise do modelo linear com platô. O ponto estimado, valor de s em que houve a estabilização do ganho esperado com a seleção, foi considerado como o número ideal de genitores para a geração do sintético. Para o caso particular de $n = 2016$, $d = 1$, $p = 0{,}2$ com $N = 2000$ indivíduos, o número ótimo estimado de s para estabilização do ganho, quando consideradas as intensidades de seleção de 1% e 5% foi de, aproximadamente, 5,20, para ambas as situações. O coeficiente de determinação (R^2) dos modelos ajustados foram 97,24% e 96,58%, respectivamente (Tabela 8). Como são necessários, no mínimo, 5,2 genitores para atingir a estabilidade do ganho esperado com a seleção, deve-se recomendar um mínimo de seis genitores para a geração do sintético. Na Figura 2 está ilustrado esse caso.

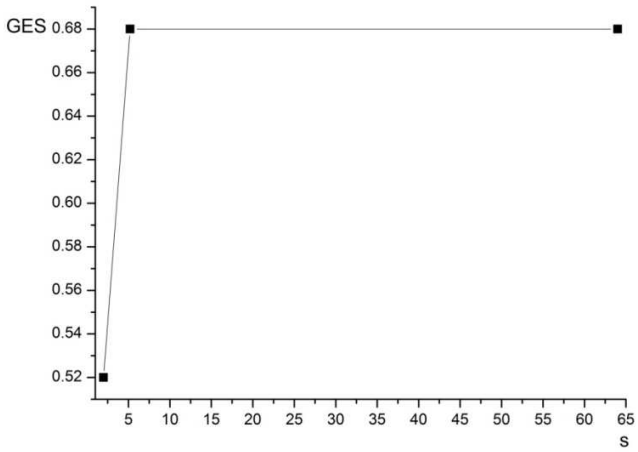


Figura 2 Ponto de estabilização do ganho esperado com a seleção (GES), utilizando uma intensidade de seleção de 1%, a partir da análise do modelo linear com platô, considerando dominância completa (*d* = 1), populações sintéticas contendo *n* = 2.016 indivíduos, geradas a partir de *s* genitores, selecionados a partir de uma população base de 2.000 indivíduos e frequência alélica favorável de 0,2, para um caráter de herdabilidade 0,1.

Na Tabela 2 estão apresentados os resultados para a proporção de alelos favoráveis obtidas nas simulações Monte Carlo. A situação é similar à apresentada na Tabela 1, exceto pelo fato de a população base ser maior (*N* = 8000). Comparando-se os valores de ambas as tabelas, fixada uma configuração em relação a *s*, *n* e *d*, verifica-se que há maior média quando a população base é maior, havendo uma pequena queda no CV e um pequeno aumento da amplitude. O tamanho do sintético (*n*), nesse caso, não teve efeito na média e no CV, influenciando apenas a amplitude, que foi maior nos sintéticos de maior tamanho. O efeito da interação alélica teve o mesmo padrão de resposta do observado na Tabela 1 (*N* = 2000). Finalmente, o efeito do aumento de *s* com *N* = 8000 foi similar ao apresentado para *N* = 2000.

Nas Tabelas 3 e 4 estão apresentados os resultados da proporção de alelos favoráveis em situações similares às das Tabelas 1 e 2, respectivamente, exceto pelo fato de a frequência alélica favorável da população base ser de 0,9. Na Tabela 3 estão os resultados quando o tamanho da população base foi de N = 2000 e na Tabela 4, quando N = 8000 indivíduos. Para N = 2000 indivíduos, o padrão observado na Tabela 1 foi verificado de forma exata, ou seja, houve um aumento da média e da variabilidade com o aumento do tamanho do sintético (n), um aumento da média e redução na variabilidade com a redução de d e uma redução da média e aumento da variabilidade com o incremento do número de genitores (s) utilizados para a geração do sintético. Do mesmo modo, os sintéticos formados com mais genitores foram mais previsíveis, pois o CV* da distribuição Monte Carlo das médias decaiu à medida que s aumentou.

Convém salientar que as médias esperadas quando p = 0,9 (Tabela 3), quando comparadas às da situação em que p = 0,2, foram ligeiramente superiores ao valor esperado 90%, quando se selecionavam os s melhores indivíduos fenotipicamente na população base. Quando p = 0,2, as médias eram relativamente maiores que o seu valor esperado. Isso mostra que, se a população é bem melhorada, ou seja, tem alta frequência de alelos favoráveis, o ganho esperado no sintético é pequeno.

Para N = 8000 (Tabela 4) houve apenas uma exceção no padrão de resposta descrito para as situações anteriores. Quando d = 1, houve uma pequena redução da média dos sintéticos quando se aumentou de 2.016 para 8.064, exatamente o oposto do que vinha ocorrendo. Para d = 0,5, houve uma redução com s= 2 e aumento com os demais valores de s, quando o tamanho do sintético aumentou de 2.016 para 8.064.

Tabela 2 Médias, ao longo de 1.000 simulações Monte Carlo, da proporção média de alelos favoráveis, do coeficiente de variação, do mínimo e do máximo da proporção de alelos favoráveis, considerando dominância completa (*d* = 1) e dominância parcial (*d* = 0,5), de populações sintéticas contendo *n* = 2016 e 8064 indivíduos, geradas a partir de *s* genitores, selecionados a partir de uma população base de 8.000 indivíduos e frequência alélica favorável de 0,2, para um caráter de herdabilidade 0,1.

n	**s**	**Parâmetros**	**d= 1**					**d= 0,5**				
			Média (CV)*	**CV**	**Mín.**	**Máx.**	**A****	**Média (CV)**	**CV**	**Mín.**	**Máx.**	**A**
2016	2	Média	22,87 (10,64)	8,66	16,21	29,53	13,32	22,93 (10,58)	8,53	16,39	29,51	13,12
	4		22,70 (9,22)	10,26	15,23	30,40	15,17	22,86 (9,05)	10,06	15,46	30,47	15,01
	8		22,55 (8,41)	11,05	14,61	30,90	16,29	22,74 (8,28)	10,86	14,81	30,99	16,18
	16		22,38 (8,02)	11,44	14,14	31,08	16,94	22,59 (7,95)	11,26	14,43	31,25	16,82
	32		22,19 (7,79)	11,70	13,80	31,17	17,37	22,41 (7,83)	11,53	14,06	31,28	17,22
	64		22,02 (7,70)	11,88	13,51	31,10	17,59	22,24 (7,71)	11,71	13,76	31,29	17,53
8064	2	Média	22,88 (11,36)	8,67	15,59	30,22	14,63	22,83 (10,47)	8,56	15,62	30,07	14,45
	4		22,68 (9,55)	10,26	14,46	31,13	16,67	22,73 (9,30)	10,25	14,58	31,16	16,58
	8		22,49 (8,72)	11,08	13,77	31,62	17,85	22,63 (8,66)	10,95	13,99	31,70	17,71
	16		22,34 (8,27)	11,49	13,32	31,87	18,55	22,46 (8,28)	11,40	13,50	31,99	18,49
	32		22,18 (7,94)	11,71	12,98	32,06	19,08	22,29 (8,04)	11,64	13,11	32,13	19,02
	64		22,03 (7,89)	11,87	12,75	32,00	19,25	22,13 (7,96)	11,78	12,86	32,13	19,27

*Coeficiente de variação da média de alelos favoráveis, ao longo das 1.000 simulações Monte Carlo; **Amplitude.

Tabela 3 Médias, ao longo de 1.000 simulações Monte Carlo, da proporção média de alelos favoráveis, do coeficiente de variação, do mínimo e do máximo da proporção de alelos favoráveis, considerando dominância completa (*d* = 1) e dominância parcial (*d* = 0,5), de populações sintéticas contendo *n* = 2016 e 8064 indivíduos, geradas a partir de *s* genitores, selecionados a partir de uma população base de 2000 indivíduos e frequência alélica favorável de 0,9, para um caráter de herdabilidade 0,1.

n	**s**	**Parâmetros**	**d= 1**					**d= 0,5**				
			Média (CV)*	**CV**	**Mín.**	**Máx.**	**A****	**Média (CV)**	**CV**	**Mín.**	**Máx.**	**A**
2016	2	Média	90,81 (1,74)	1,59	85,98	95,60	9,62	91,73 (1,66)	1,47	87,26	96,16	8,90
	4		90,77 (1,35)	1,88	84,99	96,07	11,08	91,64 (1,38)	1,77	86,21	96,63	10,42
	8		90,71 (1,19)	2,02	84,38	96,29	11,91	91,53 (1,16)	1,92	85,48	96,82	11,34
	16		90,67 (1,10)	2,10	83,92	96,45	12,53	91,43 (1,03)	1,98	85,04	96,92	11,88
	32		90,63 (1,02)	2,14	83,63	96,54	12,91	91,31 (0,97)	2,03	84,63	96,93	12,30
	64		90,59 (1,00)	2,16	83,42	96,57	13,15	91,19 (0,94)	2,06	84,28	96,92	12,64
8064	2	Média	90,87 (1,68)	1,58	85,63	96,11	10,48	91,78 (1,65)	1,46	86,92	96,65	9,73
	4		90,83 (1,39)	1,87	84,55	96,58	12,03	91,69 (1,33)	1,75	85,79	97,07	11,28
	8		90,78 (1,19)	2,03	83,78	96,85	13,07	91,59 (1,15)	1,88	85,08	97,27	12,19
	16		90,73 (1,08)	2,10	83,32	96,98	13,66	91,49 (1,05)	1,97	84,49	97,39	12,90
	32		90,68 (1,02)	2,14	82,96	97,07	14,11	91,38 (1,00)	2,02	84,08	97,44	13,36
	64		90,64 (0,99)	2,16	82,78	97,13	14,35	91,26 (0,97)	2,05	83,73	97,45	13,72

*Coeficiente de variação da média de alelos favoráveis, ao longo das 1.000 simulações Monte Carlo; **Amplitude.

Tabela 4 Médias, ao longo de 1.000 simulações Monte Carlo, da proporção média de alelos favoráveis, do coeficiente de variação, do mínimo e do máximo da proporção de alelos favoráveis, considerando dominância completa (*d* = 1) e dominância parcial (*d* = 0,5), de populações sintéticas contendo *n* = 2016 e 8064 indivíduos, geradas a partir de *s* genitores, selecionados a partir de uma população base de 8.000 indivíduos e frequência alélica favorável de 0,9, para um caráter de herdabilidade 0,1.

n	**s**	**Parâmetros**	**d= 1**					**d= 0,5**				
			Média (CV)*	**CV**	**Mín.**	**Máx.**	**A****	**Média (CV)**	**CV**	**Mín.**	**Máx.**	**A**
2016	2	Média	90,90 (1,67)	1,59	86,09	95,72	9,63	91,89 (1,59)	1,46	87,46	96,31	8,85
	4		90,86 (1,36)	1,88	85,08	96,15	11,07	91,76 (1,31)	1,74	86,39	96,69	10,30
	8		90,86 (1,17)	2,01	84,54	96,44	11,90	91,72 (1,15)	1,86	85,83	96,92	11,09
	16		90,84 (1,06)	2,09	84,12	96,59	12,47	91,64 (1,05)	1,95	85,34	97,03	11,69
	32		90,81 (0,99)	2,13	83,83	96,65	12,82	91,56 (0,98)	2,00	84,95	97,06	12,11
	64		90,78 (0,97)	2,15	83,65	96,73	13,08	91,46 (0,93)	2,03	84,71	97,08	12,37
8064	2	Média	90,80 (1,73)	1,60	85,50	96,10	10,60	91,85 (1,66)	1,46	86,96	96,71	9,75
	4		90,84 (1,39)	1,89	84,48	96,62	12,14	91,81 (1,36)	1,74	85,90	97,16	11,26
	8		90,79 (1,18)	2,01	83,79	96,83	13,04	91,76 (1,18)	1,88	85,24	97,38	12,14
	16		90,75 (1,05)	2,09	83,35	97,01	13,66	91,69 (1,07)	1,95	84,75	97,53	12,78
	32		90,71 (1,00)	2,13	83,01	97,09	14,08	91,60 (0,99)	1,99	84,34	97,56	13,22
	64		90,67 (0,97)	2,16	82,75	97,10	14,35	91,49 (0,95)	2,02	84,06	97,58	13,52

*Coeficiente de variação da média de alelos favoráveis, ao longo das 1.000 simulações Monte Carlo; **Amplitude.

4.2 Efeito do número de genitores na geração do sintético para herdabilidade igual a 100% ($h^2 = 1$).

Na Tabela 5 estão apresentados os resultados da proporção de alelos favoráveis nas populações sintéticas em uma configuração simulada idêntica a apresentada na Tabela 1, exceto pelo fato de a herdabilidade ser igual à unidade.

A grande diferença que pode ser observada é que os valores esperados dos sintéticos, obtidos com base na simulação Monte Carlo, quando se selecionam fenotipicamente o *s* melhores indivíduos na população base, são bem maiores que os valores que seriam esperados se a população base fosse recombinada. Por exemplo, para N = 2000, n = 2016, s = 2 e d = 1, a média esperada das populações sintéticas é de 27,70, com $h^2 = 1$ e 22,45 com $h^2 = 0,1$. Ambos os valores são superiores a 20, que seria o valor esperado com a recombinação aleatória de todos os indivíduos da população base. O valor com $h^2 = 1$ é 38,5% superior ao valor esperado sob recombinação, enquanto com $h^2 = 0,1$, é apenas 12,25% superior.

O padrão de resposta com herdabilidades maiores foi o mesmo observado para $h^2 = 0,1$. O ganho esperado com seleção, elevando-se a herdabilidade, aumentou, embora apresentasse o mesmo padrão descrito anteriormente. Indivíduos com valores extremos de maiores magnitudes foram observados nas populações sintéticas com herdabilidades maiores (Tabela 5).

Tabela 5 Médias, ao longo de 1.000 simulações Monte Carlo, da proporção média de alelos favoráveis, do coeficiente de variação, do mínimo e do máximo da proporção de alelos favoráveis, considerando dominância completa (*d* = 1) e dominância parcial (*d* = 0,5), de populações sintéticas contendo *n* = 2016 e 8064 indivíduos, geradas a partir de *s* genitores, selecionados a partir de uma população base de 2.000 indivíduos e frequência alélica favorável de 0,2, para um caráter de herdabilidade 1,0.

n	**s**	**Parâmetros**	**d= 1**					**d= 0,5**				
			Média (CV)*	**CV**	**Mín.**	**Máx.**	**A****	**Média (CV)**	**CV**	**Mín.**	**Máx.**	**A**
2016	2	Média	27,70 (7,56)	7,97	20,23	35,11	14,88	28,56 (6,87)	7,52	21,26	35,81	14,55
	4		27,31 (7,18)	8,42	19,47	34,99	15,52	28,12 (6,64)	7,83	20,57	35,48	14,91
	8		26,87 (7,06)	8,68	18,97	34,64	15,67	27,62 (6,53)	8,05	20,02	35,11	15,09
	16		26,38 (6,94)	8,88	18,40	34,28	15,88	27,06 (6,58)	8,25	19,42	34,57	15,15
	32		25,83 (6,98)	9,05	17,83	33,71	15,88	26,45 (6,65)	8,43	18,83	33,95	15,12
	64		25,23 (7,08)	9,22	17,29	33,16	15,87	25,78 (6,74)	8,62	18,19	33,36	15,17
8064	2	Média	27,73 (7,14)	7,96	19,50	35,95	16,45	28,44 (7,24)	7,56	20,44	36,41	15,97
	4		27,38 (6,71)	8,39	18,77	35,83	17,06	27,99 (6,97)	7,88	19,70	36,12	16,42
	8		26,93 (6,47)	8,65	18,22	35,47	17,25	27,47 (6,91)	8,10	19,04	35,67	16,63
	16		26,41 (6,39)	8,87	17,57	35,07	17,50	26,92 (6,88)	8,28	18,51	35,23	16,72
	32		25,88 (6,41)	9,03	17,05	34,58	17,53	26,32 (6,90)	8,46	17,90	34,64	16,74
	64		25,28 (6,52)	9,20	16,58	34,00	17,42	25,66 (7,00)	8,65	17,30	34,04	16,74

*Coeficiente de variação da média de alelos favoráveis, ao longo das 1.000 simulações Monte Carlo; **Amplitude.

Para populações base N = 8000 e h^2 = 1, situação similar à apresentada na Tabela 2, os resultados foram colocados no APÊNDICE 1A. Os ganhos genéticos, em termos da proporção de alelos favoráveis na população sintética, foram bem maiores que os observados quando a população base foi de 2.000 indivíduos (Tabela 5). Esse fato destaca a importância de se ter uma população base grande, para permitir a seleção dos melhores indivíduos.

Convém salientar que a seleção, nesse último caso, é genotípica, uma vez que o efeito ambiental é nulo (h^2 = 1). Como os ganhos são muito maiores que os observados para h^2 = 0,1 (Tabelas 1 e 2), então, alguma estratégia para melhorar a seleção dos melhores indivíduos na população base deve ser considerada. Uma possível solução seria fazer a seleção com base na avaliação de progênies, em vez de se usar apenas a seleção massal. Os ganhos muito superiores (Tabela 5 e APÊNDICE 1A) compensariam, pelo menos em tese, o maior tempo e custo para a obtenção e a avaliação de progênies. Assim, poder-se-ia utilizar uma seleção massal branda para selecionar os indivíduos que seriam utilizados na obtenção das progênies, reduzindo-se parcialmente os custos.

Para populações melhoradas, p = 0,9, com h^2 = 1, os resultados para a proporção de alelos favoráveis nas populações sintéticas estão apresentados na Tabela 6 e APÊNDICE 2A. Essas situações são similares às apresentadas nas Tabelas 3 e 4, com h^2 = 0,1. Praticamente o mesmo tipo de resposta foi observado, exceto pelo fato de que as médias dos sintéticos foram superiores. A redução da dominância provocou grandes ganhos na média dos alelos favoráveis e um estreitamento da variabilidade. Isso, contudo, não foi preponderante, uma vez que os máximos observados para d = 1 e d = 0,5 são sempre maiores nos sintéticos com menor dominância.

Tabela 6 Médias, ao longo de 1.000 simulações Monte Carlo, da proporção média de alelos favoráveis, do coeficiente de variação, do mínimo e do máximo da proporção de alelos favoráveis, considerando dominância completa (*d* = 1) e dominância parcial (*d* = 0,5), de populações sintéticas contendo *n* = 2016 e 8064 indivíduos, geradas a partir de *s* genitores, selecionados a partir de uma população base de 2.000 indivíduos e frequência alélica favorável de 0,9, para um caráter de herdabilidade 1,0.

n	**s**	**Parâmetros**	**d= 1**					**d= 0,5**				
			Média (CV)*	**CV**	**Mín.**	**Máx.**	**A****	**Média (CV)**	**CV**	**Mín.**	**Máx.**	**A**
2016	2	Média	91,43 (1,55)	1,60	86,58	96,29	9,71	95,92 (0,84)	1,04	92,70	99,13	6,43
	4		91,46 (1,23)	1,86	85,64	96,73	11,09	95,64 (0,80)	1,12	92,08	99,02	6,94
	8		91,46 (1,01)	1,98	85,10	96,94	11,84	95,31 (0,79)	1,18	91,53	98,86	7,33
	16		91,46 (0,87)	2,04	84,78	97,08	12,30	94,95 (0,80)	1,24	90,95	98,69	7,74
	32		91,47 (0,80)	2,07	84,57	97,19	12,62	94,54 (0,82)	1,31	90,33	98,45	8,12
	64		91,48 (0,77)	2,08	84,47	97,22	12,75	94,08 (0,84)	1,38	89,61	98,22	8,61
8064	2	Média	91,46 (1,51)	1,59	86,13	96,80	10,67	95,90 (0,81)	1,05	92,42	99,39	6,97
	4		91,43 (1,22)	1,85	85,07	97,15	12,08	95,63 (0,77)	1,12	91,75	99,28	7,53
	8		91,44 (1,01)	1,97	84,50	97,37	12,87	95,31 (0,77)	1,18	91,15	99,16	8,01
	16		91,47 (0,90)	2,03	84,17	97,53	13,36	94,94 (0,77)	1,25	90,56	99,00	8,44
	32		91,48 (0,83)	2,06	83,87	97,64	13,77	94,54 (0,79)	1,31	89,88	98,80	8,92
	64		91,47 (0,79)	2,07	83,71	97,66	13,95	94,09 (0,81)	1,38	89,13	98,59	9,46

*Coeficiente de variação da média de alelos favoráveis, ao longo das 1.000 simulações Monte Carlo; **Amplitude.

4.3 Considerações gerais

Na simulação computacional procura-se, ao máximo, aproximar-se das condições que possam ser prevalecentes. Por essa razão, neste trabalho, utilizaram-se diferentes frequências alélicas na população base (p = 0,2 e p = 0,9). Como descrito na metodologia, essas frequências foram simuladas utilizando-se a distribuição beta, no intuito de se ter uma população pouco ou muito melhorada. Embora não se tenha informação a respeito da frequência alélica existente para qualquer caráter poligênico em plantas cultivadas, essas frequências alélicas médias devem representar bem o que ocorre na prática.

Não existem muitas informações a respeito do número de genes que controlam a maioria dos caracteres de importância econômica. No caso da cultura do milho, para o teor de óleo e proteína, é estimado que esse número seja superior a 100 (BERNARDO, 2002). Assim, dificilmente qualquer melhorista tem condições de trabalhar com populações cujo número de genes segregando seja tão elevado. Na simulação, consideraram-se 100 genes, número este que deve ser superior ao que segrega nas populações trabalhadas pelos melhoristas.

Outro aspecto importante na simulação envolvendo o melhoramento genético de plantas é a herdabilidade do caráter. Na cultura do eucalipto, existem algumas estimativas de herdabilidade, especialmente para caracteres relacionados ao volume de madeira. Essas estimativas variam em função da unidade seletiva. Quando a herdabilidade é estimada no âmbito de indivíduo, normalmente assume valores abaixo de 50% (RESENDE, 2001). Com progênies, essa estimativa é relativamente maior (ANDRADE; MARQUES JÚNIOR; RAMALHO, 1996; CASTRO, 1992; PEREIRA et al., 1997). Para outros caracteres, as informações são mais restritas, mas os valores da herdabilidade são quase sempre superiores aos encontrados para caracteres relacionados ao volume de madeira (BERTOLUCCI; DEMUNER, 1993;

TOLFO et al., 2005; BOTREL et al., 2007). Para se ter uma generalização dos resultados na simulação, consideraram-se os valores da herdabilidade variando de 0,1 a 1,0.

O número de indivíduos a serem submetidos à seleção, ou seja, o tamanho da população base, também foi escolhido procurando-se ter condições semelhantes às adotadas pelos melhoristas. Foram utilizados os tamanhos de dois mil, cinco mil e oito mil plantas, condições estas que abrangem a maioria das situações envolvendo o melhoramento de plantas perenes. Esse mesmo procedimento foi adotado no trabalho realizado por Tamaki et al. (2007) com forrageiras.

Embora o enfoque dos resultados e da discussão tenha sido direcionado à cultura do eucalipto, os resultados podem ser extrapolados para qualquer espécie cultivada, ajustando-se os valores das configurações às condições de cada situação.

De maneira geral, o aumento do número de genitores teve o efeito de reduzir a média do sintético em relação à proporção de alelos favoráveis. Isso ocorre porque quanto maior o número de genitores, menor a probabilidade de que todos tenham média alta. Assim, quando se introduzem indivíduos menos adaptados para participar dos cruzamentos geradores dos sintéticos, aumenta-se a chance do aparecimento de indivíduos com combinações genotípicas desfavoráveis na população sintética, reduzindo, assim, sua média.

Por outro lado, o aumento do número de genitores favorece a segregação de um número maior de locos, nesse caso, acarretando o aumento da variabilidade no sintético gerado, o que é desejável até certo ponto. Isso de fato pode ser constatado pelo aumento do CV e da amplitude quando o número de genitores aumentou de 2 para 64 indivíduos.

Quando se trabalha com caracteres de elevada herdabilidade, a chance de se obter populações sintéticas com maiores médias, ou seja, com maior

frequência média de alelos favoráveis, é maior. Assim, para caracteres de baixa herdabilidade, deve-se buscar um aumento na eficiência da seleção dos genitores formadores da população sintética. Foi recomendado o uso de testes de progênies, após uma seleção massal branda dos indivíduos da população base. A intensidade da seleção massal deve ser escolhida de tal maneira que o custo e o tempo requeridos para a obtenção e a avaliação das progênies sejam otimizados.

Um investimento maior deve ser feito preferencialmente no tamanho da população base, em detrimento do tamanho do sintético. Isso decorre do fato de os ganhos serem muito pequenos na média, quando se aumenta o tamanho da população sintética de 2.016 para 8.064 indivíduos. A dominância, por outro lado, é um complicador, pois sintéticos obtidos com dominância parcial têm maiores médias que os obtidos com dominância completa. Como em populações de eucalipto tem sido detectada a dominância parcial para alguns caracteres, então se esperam maiores ganhos com a formação de populações sintéticas, quando comparada com situações envolvendo outras populações alógamas em que predomina a dominância completa.

Por outro lado, existe bastante variabilidade nas populações sintéticas com dominância completa, maiores do que as observadas nos sintéticos com dominância parcial. Entretanto, essa variabilidade gira em torno da média, que é menor quando há dominância completa. Dessa forma, existe uma concentração dos valores numa faixa, variação entre o mínimo e o máximo, à esquerda da observada, em relação à situação de dominância parcial. Essa constatação corrobora a tendência atual de, no melhoramento de eucalipto, serem utilizadas populações sintéticas para a realização da seleção recorrente intrapopulacional, em detrimento da seleção recorrente recíproca (DIETERS; KERR; TIER, 2004).

Os resultados indicam também que os sintéticos mais produtivos são aqueles com s = 2 melhores indivíduos selecionados fenotipicamente na população base. Entretanto, essas populações sintéticas não são as de maior

variabilidade. O critério proposto neste trabalho foi o de combinar a informação da média (adaptação) com a da variabilidade da população sintética, buscando um balanço entre a redução da média e o aumento dessa variabilidade. Assim, estimou-se o ganho esperado com a seleção (GES).

Como se pode observar na Tabela 7, o aumento do número de genitores teve o efeito de aumentar o ganho esperado com a seleção em relação à proporção de alelos favoráveis. Embora se tenha constatado esse aumento, vale ressaltar que os mesmos são bem pequenos, não compensando o trabalho para se realizar o intercruzamento de muitos genitores para a formação dos sintéticos.

Pode-se observar também que o aumento da frequência de alelos favoráveis na população base de 0,2 para 0,9 apresentou menores ganhos com a seleção. Isso já era esperado, uma vez que os indivíduos selecionados nas populações com maior frequência de alelos favoráveis, que foram utilizados como genitores das populações sintéticas, já tinham elevadas médias.

Quando se trabalha com caracteres de elevada herdabilidade, a chance de se obter maiores ganhos com a seleção é maior. Assim, como comentado anteriormente, para caracteres de baixa herdabilidade, deve-se buscar um aumento na eficiência da seleção dos genitores formadores da população sintética.

Percebe-se também que os GES são praticamente os mesmos quando se utilizam populações sintéticas de tamanho 2.016 e 8.064, independente da herdabilidade e da dominância, exceto nas situações em que a $h^2 = 1$ e $p = 0,9$, em que os ganhos são menores. Isso ocorre porque, à medida que o valor de d é reduzido, a variância genética também é reduzida. Como as médias são praticamente as mesmas, o GES, que depende da média e do desvio padrão fenotípico, que nesse caso é igual ao genético, diminui bastante.

Por fim, na Tabela 8 estão apresentadas as estimativas do número ótimo de genitores (s_0), considerando o critério de estabilização no ganho esperado

com a seleção com o aumento de *s*. Essas estimativas foram obtidas ajustando-se modelos lineares com platô (P). Os valores das estimativas dos platôs também estão apresentados na Tabela 8. Esses valores representam exatamente o ponto de estabilização do ganho. Em geral, os ajustes desses modelos, conforme pode ser verificado pelos R^2 observados, foram de excelente qualidade, com os coeficientes de determinação superiores a 86%.

De maneira geral, para estabilização do ganho esperado com a seleção, para intensidades de seleção de 1% e 5%, utilizando populações base pouco melhoradas (p = 0,2), são necessários de cinco a seis genitores para gerar as populações sintéticas, independentemente da herdabilidade e da dominância. Para populações base melhoradas (p = 0,9), o número ótimo de genitores deve estar entre 6 e 15, na geração dessas populações.

O número de genitores encontrados para a geração dos sintéticos foi, em geral, semelhante aos encontrados na literatura para a cultura do milho. Kinman e Sprague (1945, citados por KUTKA; SMITH, 2007), utilizando dialelos com dez linhagens, concluíram que de quatro a seis linhagens poderiam gerar os sintéticos mais produtivos. Kutka e Smith (2007) mostraram que de cinco a nove linhagens dariam os maiores ganhos e que esse número ótimo de genitores foi o mesmo encontrado por Ortiz-Cereceres (1961), Cordova e Marquez-Sanchez (1976) e Weber e Wricke (1978). Os autores ainda relatam que, entre todos os experimentos, a produtividade média mais alta, em relação ao híbrido mais produtivo de cada experimento, foi 21,8% menor para sintéticos produzidos a partir de seis linhagens, não diferindo estatisticamente das médias dos sintéticos produzidos a partir de cinco, sete e oito linhagens. Esse resultado, de certa forma, já era esperado, haja vista a elevada heterose encontrada no milho, o que compensa a obtenção de híbridos.

Utilizando os resultados de dialelos com doze ou mais linhagens, Kutka e Smith (2007) relataram que a maior média entre os sintéticos avaliados foi

obtida quando se utilizaram nove linhagens para produzir a população, mas que essa produção não apresentou diferença significativa em relação aos sintéticos produzidos com o cruzamento de 5 a 12 linhagens. Os resultados sugerem que, para formar os sintéticos mais produtivos, o número ideal de genitores deve variar de 5 a 12, concordando com o CIMMYT (1999), que sugere a produção de sintéticos a partir de 8 a 10 linhagens.

A princípio, o número de genitores recomendados para a geração das populações sintéticas pode parecer pequeno, comprometendo, assim, os tamanhos efetivos da população, quando se tem a intenção de utilizar essas populações na realização de ciclos de seleção recorrente intrapopulacional. No entanto, vale comentar que o sistema de populações sintéticas não é um sistema fechado, ou seja, a qualquer momento, tendo sido detectado que a variabilidade genética foi reduzida, pode-se fazer a introdução de novos indivíduos para que os mesmos venham participar da recombinação, ampliando novamente a variabilidade da população.

Outro argumento para a utilização de um número menor de genitores para a geração das populações sintéticas é o fato de que, à medida que se aumenta esse número, a probabilidade de um determinado cruzamento deixar um representante na população sintética é reduzida. Por exemplo, com s = 64 genitores, promovendo cruzamentos biparentais, serão obtidas 2.016 combinações híbridas, isto é C_{64}^{2}. Assim, numa população sintética de 2.016 indivíduos, que não é pequena, espera-se, em média, apenas um descendente por cruzamento. Com isso, o investimento realizado para a realização de cada cruzamento terá um retorno muito pequeno. Poder-se-ia pensar em utilizar uma população maior, como, por exemplo, 20.160, número esse já excessivo se for considerado que essa população será submetida à seleção massal. Mesmo nessa situação, serão apenas 10 indivíduos por cruzamento. Deve ser enfatizado também que, se for um programa de seleção recorrente, quando forem

escolhidos os 64 genitores para o ciclo seguinte, certamente, os alelos favoráveis de muitos dos genitores envolvidos no intercruzamento anterior não estarão mais presentes. Deve-se, então, envidar esforços em um número reduzido de cruzamentos e explorá-los mais eficientemente. Além disso, deve-se levar em consideração o tempo e o recurso gastos para a realização desses cruzamentos que, obviamente, são menores quanto menor for o valor de *s*.

Tabela 7 Estimativas dos valores mínimos (*s* = 2) e máximos (*s* = 64) do ganho esperado com a seleção (GES), considerando as intensidades de seleção de 1% e 5%, em função da herdabilidade (h^2), da frequência de alelos favoráveis na população base (*p*), do tamanho da população base (*N*), do tamanho do sintético (*n*) e da dominância (*d*).

h^2	p	N	n	d	GES (1%)		GES (5%)	
					Mín.	Máx.	Mín.	Máx.
0,1	0,2	2000	2016	1,0	0,52	0,69	0,40	0,54
0,1	0,2	2000	2016	0,5	0,52	0,69	0,40	0,54
0,1	0,2	2000	8064	1,0	0,52	0,69	0,40	0,54
0,1	0,2	2000	8064	0,5	0,52	0,69	0,40	0,54
0,1	0,2	8000	2016	1,0	0,53	0,70	0,41	0,54
0,1	0,2	8000	2016	0,5	0,52	0,69	0,40	0,54
0,1	0,2	8000	8064	1,0	0,53	0,70	0,41	0,54
0,1	0,2	8000	8064	0,5	0,52	0,69	0,40	0,54
0,1	0,9	2000	2016	1,0	0,38	0,52	0,30	0,40
0,1	0,9	2000	2016	0,5	0,36	0,50	0,28	0,39
0,1	0,9	2000	8064	1,0	0,38	0,52	0,30	0,40
0,1	0,9	2000	8064	0,5	0,36	0,50	0,28	0,39
0,1	0,9	8000	2016	1,0	0,39	0,52	0,30	0,40
0,1	0,9	8000	2016	0,5	0,36	0,49	0,28	0,38
0,1	0,9	8000	8064	1,0	0,39	0,52	0,30	0,40
0,1	0,9	8000	8064	0,5	0,36	0,49	0,28	0,38
1,0	0,2	2000	2016	1,0	5,88	6,20	4,55	4,80
1,0	0,2	2000	2016	0,5	5,72	5,92	4,43	4,58
1,0	0,2	2000	8064	1,0	5,88	6,20	4,55	4,80
1,0	0,2	2000	8064	0,5	5,73	5,92	4,44	4,58
1,0	0,2	8000	2016	1,0	5,98	6,30	4,63	4,88
1,0	0,2	8000	2016	0,5	5,83	5,98	4,51	4,63
1,0	0,2	8000	8064	1,0	5,98	6,29	4,63	4,87
1,0	0,2	8000	8064	0,5	5,83	5,99	4,51	4,63
1,0	0,9	2000	2016	1,0	3,90	5,07	3,02	3,93
1,0	0,9	2000	2016	0,5	2,66	3,46	2,06	2,68
1,0	0,9	2000	8064	1,0	3,88	5,05	3,00	3,91
1,0	0,9	2000	8064	0,5	2,68	3,46	2,08	2,68
1,0	0,9	8000	2016	1,0	3,90	5,05	3,02	3,91
1,0	0,9	8000	2016	0,5	2,47	3,16	1,91	2,45
1,0	0,9	8000	8064	1,0	3,88	5,07	3,00	3,93
1,0	0,9	8000	8064	0,5	2,47	3,16	1,91	2,45

Tabela 8 Estimativas do número ótimo de genitores (s_0), com os respectivos platôs (P) e coeficientes de determinação (R^2) do ajuste do modelo linear com platô para os ganhos esperados com a seleção (GES), considerando as intensidades de seleção de 1% e 5%, em função da herdabilidade (h^2), da frequência de alelos favoráveis na população base (*p*), do tamanho da população base (*N*), do tamanho do sintético (*n*) e da dominância (*d*).

h^2	p	N	n	d	GES (1%)			GES (5%)		
					s_0	P	R^2	s_0	P	R^2
0,1	0,2	2000	2016	1,0	5,20	0,68	97,24	5,19	0,53	96,58
0,1	0,2	2000	2016	0,5	5,20	0,68	97,24	5,13	0,53	96,24
0,1	0,2	2000	8064	1,0	5,20	0,68	97,24	5,25	0,53	95,89
0,1	0,2	2000	8064	0,5	5,56	0,68	97,31	5,57	0,53	96,38
0,1	0,2	8000	2016	1,0	5,39	0,68	95,69	5,43	0,53	95,28
0,1	0,2	8000	2016	0,5	5,56	0,68	97,31	5,57	0,53	96,38
0,1	0,2	8000	8064	1,0	5,39	0,68	95,69	5,43	0,53	95,28
0,1	0,2	8000	8064	0,5	5,20	0,68	97,24	5,25	0,53	95,89
0,1	0,9	2000	2016	1,0	5,71	0,51	96,03	5,70	0,39	96,38
0,1	0,9	2000	2016	0,5	5,57	0,49	96,38	5,80	0,38	93,96
0,1	0,9	2000	8064	1,0	5,71	0,51	96,03	5,70	0,39	96,38
0,1	0,9	2000	8064	0,5	5,50	0,48	93,52	5,80	0,38	93,96
0,1	0,9	8000	2016	1,0	5,43	0,51	95,28	5,70	0,39	96,38
0,1	0,9	8000	2016	0,5	5,36	0,48	91,51	5,60	0,37	91,98
0,1	0,9	8000	8064	1,0	5,36	0,51	96,04	5,70	0,39	96,38
0,1	0,9	8000	8064	0,5	5,43	0,48	95,28	5,70	0,37	96,38
1,0	0,2	2000	2016	1,0	4,74	6,22	99,08	4,79	4,82	99,12
1,0	0,2	2000	2016	0,5	4,87	5,94	98,68	5,00	4,60	97,80
1,0	0,2	2000	8064	1,0	4,83	6,22	98,94	4,79	4,82	99,12
1,0	0,2	2000	8064	0,5	4,67	5,93	99,38	4,73	4,59	98,91
1,0	0,2	8000	2016	1,0	4,74	6,32	99,08	4,79	4,90	99,12
1,0	0,2	8000	2016	0,5	5,00	6,00	97,80	4,89	4,64	98,56
1,0	0,2	8000	8064	1,0	4,81	6,32	98,84	4,89	4,89	98,92
1,0	0,2	8000	8064	0,5	4,57	6,01	97,00	4,59	4,65	94,88
1,0	0,9	2000	2016	1,0	5,43	4,98	96,49	5,42	3,86	96,41
1,0	0,9	2000	2016	0,5	13,93	3,30	87,73	13,83	2,55	87,62
1,0	0,9	2000	8064	1,0	5,41	4,96	96,29	5,42	3,84	96,41
1,0	0,9	2000	8064	0,5	13,74	3,31	88,62	14,00	2,56	88,55
1,0	0,9	8000	2016	1,0	5,43	4,95	95,41	5,44	5,44	95,25
1,0	0,9	8000	2016	0,5	14,08	3,01	86,94	14,10	2,33	86,54
1,0	0,9	8000	8064	1,0	5,52	4,96	95,31	5,56	3,84	95,15
1,0	0,9	8000	8064	0,5	13,35	3,02	87,40	13,18	2,34	87,17

5 CONCLUSÕES

Para a estabilização do ganho esperado com a seleção, para intensidades de seleção de 1% e 5%, utilizando populações base pouco melhoradas, são necessários cinco ou seis genitores, independentemente da herdabilidade e da dominância, para a geração de populações sintéticas.

Já para populações base melhoradas, o número ótimo de genitores deve estar entre seis e quinze para gerar as populações sintéticas, independentemente da herdabilidade e da dominância.

REFERÊNCIAS

ANDRADE, H. B. **Avaliação de espécies e procedências de *Eucalyptus L' Heritier* (Myrtaceae) nas regiões norte e noroeste do Estado de Minas Gerais**. 1991. 105 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 1991.

ANDRADE, H. B.; MARQUES JÚNIOR, O. G.; RAMALHO, M. A. P. Assessment of the early selection efficiency in *Eucalyptus cloeziana* F. Muell in the northwest of Minas Gerais State, Brazil. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 45, n. 5-6, p. 359-361, 1996.

ASSIS, T. F. Production and use of *Eucalyptus* hybrids for industrial purposes. In: HYBRID BREEDING AND GENETICS OF FOREST TREES, 2000, Noosa. **Proceedings...** Brisbane: Department of Primary Industries, 2000. p. 63-74.

BANNEROT, H.; FOUILLOUX, G. Selection methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: GEPTS, P. (Ed.). **Genetic resources of *Phaseolus* bean.** Dordrecht: Klümer Academic Publishers, 1988. 611 p.

BARBOSA, M. H. P.; PETERNELLI, L. A.; SOUZA, E. F. M. Designs and model effects definitions in the initial stage of a plant breeding program. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 3, p. 369-375, mar. 2006.

BARRICHELO, L. E. G.; SILVA, P. H. M. Progressos genéticos na área florestal. In: PATERNIANI, E. (Ed.). **Ciência, agricultura e sociedade**. Brasília, DF: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2006, p. 439-456.

BAUDOUIM, L. et al. Recurrent selection of tropical tree crops. **Euphytica**, Wageningen, v. 96, n. 1, p. 101-114, 1997.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants.** Woodbury: Stemma, 2002. 368 p.

BERTOLUCCI, F. L. G.; DEMUNER, B. J. Seleção florestal: uma nova abordagem a partir de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para características da madeira e polpa de eucalipto. In: CONGRESSO ANUAL DE CELULOSE E PAPEL, 26., 1993, São Paulo. **Proceedings...** São Paulo: ABTCP, 1993. p. 411-423.

BERTOLUCCI, F. L. G.; GONÇALVES, F. M. A.; REZENDE, G. D. S. P. Progresso genético por meio da seleção de clones de eucalipto em plantios comerciais. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 25, n. 3, p. 295-301, jul./set. 2001.

BERTOLUCCI, F. L. G.; PANCHEL, R.; REZENDE, G. D. S. P. Produção e utilização de híbridos de eucalipto. **Silvicultura**, São Paulo, v. 26, n. 51, p. 12-16, 1995.

BISON, O. **Melhoramento de eucalipto visando à obtenção de clones para a indústria de celulose**. 2004. 169 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2004.

BISON, O. et al. Inbreeding depression in *Eucalyptus* clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 4, p. 459-464, 2004.

BISON, O. et al. Comparison between open progenies and hybrids performance in *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla*. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 55, n. 4-5, p. 192-196, 2006.

BORRALHO, N. M. G. O melhoramento genético do eucalipto: duas histórias com o mesmo fim. In: SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS: Genética e melhoramento de plantas perenes, 11., 2007, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2007. p. 4-26.

BORRALHO, N. M. G. Seed orchards or cuttings: which is the best? In: IUFRO CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF *EUCALYPTUS*, 1997, Salvador. **Proceedings...** Colombo: EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas, 1997. v. 1, p. 330-336.

BORRALHO, N. M. G.; COSTA E SILVA, J.; POTTS, B. M. Additive and non-additive genetic parameters from clonally replicated and seedling progenies of *Eucalyptus globulus*. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 108, p. 1113-1119, 2004.

BOTREL, M. C. G. et al. Ganho genético em propriedades físicas e mecânicas de clones de *Eucalyptus*. **Revista Scientia Florestalis**, Piracicaba, n. 76, p. 13-19, dez. 2007.

BOUVET, J. M.; VIGNERON, P. Variance structure in *Eucalyptus* hybrid populations. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 45, n. 2-3, p. 171-177, 1996.

BOUVET, J. M.; SAYA, A.; VIGNERON, P. Trends in additive, dominance and environmental effects with age for growth traits in *Eucalyptus* hybrid populations. **Euphytica**, Netherlands, n. 165, p. 35-54, 2009.

BRUMMER, D. C. Capturing heterosis in forage crop cultivar development. **Crop Science**, Madison, v. 39, p. 943-954, 1999.

BUROW, M. D.; COORS, J. G. Diallel: a microcomputer program for the simulation and analysis of diallel crosses. **Agronomy Journal,** Madison, v. 86, n. 1, p. 154-158, Jan./Feb. 1994.

CAMPINHOS, E.; IKEMORI, Y. K. Introdução de novas técnicas na produção de mudas de essências florestais. **Silvicultura**, São Paulo, v. 8, n. 28, p. 226-228, 1983.

CASTRO, N. H. C. **Número de repetições e eficiência da seleção em progênies de meios irmãos de *Eucalyptus camaldulensis***. 1992. 121 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1992.

CIMMYT. **Development, maintenance, and seed multiplication of open-pollinated maize varieties**. México: CIMMYT, 1999. 12 p.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. **Biometrics**, Arlington, v.4, p. 254-266, 1948.

COOPER, M.; PODLICH, D. W. QU-GENE: A platform for priate indicator of the change in gene frequency follow- quantitative analysis of genetic models. **Bioinformatics**, Oxford, v. 14, p. 632-653, 1998.

CORDOVA, O.; MARQUEZ-SANCHEZ, F. Efecto del numero de lineas endogamicas sobre el comportamiento de las variedades sinteticas derivadas de uma poblacion de maiz (*Zea mays* L.): II Parametros de estabilidad. **Informativo Del Maiz**, Peru, n. 2, p. 15-23, 1976.

COSTA, R. R. G. F. **Performance dos indivíduos nos testes de progênies e os respectivos clones de eucalipto**. 2008. 66 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.

CRUZ, C. D. Programa Genes: aplicativo computacional em estatística aplicada à genética. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 21, n. 1, p. 135-138, mar. 1998.

CRUZ, C. D. A informática no melhoramento genético. In: NASS, L. L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 1085-1118.

DACHS, J. N. W. **Estatística computacional**: uma introdução ao Turbo Pascal. Rio de Janeiro: LTC, 1988. 236 p.

DENISON, N. P.; KIETZKA, J. E. The use and importance of hybrid intensive forestry in South Africa. **South Africa Forestry Journal**, Pretoria, v. 165, p. 55-60, 1996.

DIETERS, M. J.; KERR, R. J.; TIER, B. Simulation of the comparative gains from four different hybrid tree breeding strategies. **Canadian Journal of Forest Research**, Vancouver, v. 34. p. 195-208, 2004.

DUNGEY, H. S.; POTTS, B. M. Interspecific hybridization of *Eucalyptus*: key issues for breeders and geneticists. **New Forests**, Netherlands, n. 27, p. 115-138, 2004.

EUCLYDES, R. F. **Uso de sistemas Genesys na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares.** 1996. 149 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1996.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. London: Longman, 1996. 464 p.

FERREIRA, D. F. Uso da simulação no melhoramento. In: NASS, L. L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação-MT, 2001, p. 1119-1141.

FERREIRA, D. F. **Uso de recursos computacionais.** Lavras, 2007. 169 p. Apostila.

FERREIRA, M.; SANTOS, P. E. T. Melhoramento genético florestal dos *Eucalyptus* no Brasil: breve histórico e perspectivas. In: IUFRO CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF *EUCALYPTUS*, 1997, Salvador. **Proceedings...**Colombo: EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas, 1997. v. 1, p. 14-34.

FERREIRA, W. D. et al. Family number in common bean selection. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 23, n. 2, p. 403-409, jun. 2000.

FERREIRA, D. F.; NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P. Inclusion of genetic relationship information in the pedigree selection method using mixed models. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 31, p. 73-78, 2008.

FISHER, R. H.; YATES, F. **Tabelas estatísticas para pesquisa em biologia, medicina e agricultura**. São Paulo: USP, 1971. 150 p.
GURGEL, F. L. **Simulação computacional no melhoramento genético de plantas**. 2004. 187 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2004.

HARDNER, C. M.; POTTS, B. M. Inbreeding depression and changes in variation after selfing in *Eucalyptus globulus* ssp. *globulus*. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 44, n. 1, p. 46-54, 1995.

HODGE, G. R. et al. A comparison of genetic information from open-pollinated and control-pollinated progeny tests in two eucalypt species. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 92, p. 53-63, 1996.

JENKINS, M. T.; SPRAGUE, G. F. A comparison of synthetic varieties, multiple crosses, and double crosses in corn. **Journal of American Society of Agronomy**, Madison, v. 35, p-137-147, 1943.

KUTKA, F. J.; SMITH, M. E. How many parents give the highest yield in predicted synthetics and composite populations of maize? **Crop Science**, Madison, v. 47, p. 1905-1913, Set./Out. 2007.

LEITE, M. S. O. et al. Sample size for full-sib family evaluation in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, p. 1562-1574, dez. 2009.

LONNQUIST, J. H.; McGILL, D. P. Performance of corn synthetics in advanced generations of synthesis and after two cycles of recurrent selection. **Agronomy Journal,** Stanford, v. 48, p. 249-253, 1956.

MARQUEZ-SANCHEZ, F. An empirical approach for the prediction of maize F_2 synthetics with varying numbers of lines. **Crop Science**, Madison, v.19, p. 439-444, 1979.

MORGAN, B. J. T**. Elements of simulation**. London: Chapman & Hall, 1995. 351 p.

NUNES, J. A. R. **Incorporação da informação de parentesco no método genealógico pelo enfoque de modelos mistos**. 2006. 126 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

PAULA, R. C. et al. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 2, p. 159-165, fev. 2002.

PEREIRA, A. B. et al. Eficiência da seleção precoce em famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh., na região noroeste do Estado de Minas Gerais. **Revista Cerne**, Lavras, v. 3, n. 1, jun. 1997.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2010.

RAMALHO, M. A. P. **Melhoramento de plantas autógamas.** Lavras: UFLA/ FAEPE, 2003. 66 p.

RAMALHO, M. A. P.; VENCOVSKY, R. Contribuições do melhoramento genético de plantas no Brasil. In: PATERNIANI, E. (Ed.). **Agricultura brasileira e pesquisa agropecuária**. Brasília: EMBRAPA Comunicação para Transferência de Tecnologia, 2000. p. 57-89.

RESENDE, M. D. V. Melhoramento de espécies perenes. In: NASS, L. L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 357-421.

RESENDE, M. D. V.; REZENDE, G. D. S. P. Dominance effects in *Eucalyptus grandis*, *Eucalyptus urophylla* and hybrids. In: HYBRID BREEDING AND GENETICS OF FOREST TREES, 2000, Noosa. **Proceedings...** Brisbane: Department of Primary Industries, 2000. p. 93-100.

REZENDE, G. D. S. P. Melhoramento genético do eucalipto. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1., 2001, Goiânia. **Anais...** Goiânia: EMBRAPA Arroz e Feijão, 2001. 1 CD-ROM.

ROCHA, M. G. B. et al. Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis* por meio dos procedimentos REML/BLUP e da ANOVA. **Revista Scientia Florestalis**, Piracicaba, n. 71, p. 99-107, ago. 2006.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT User´s Guide**: version 8. Cary: SAS Institute Inc, 2000.

SILVA, J. W. **Emprego da simulação na escolha do número de indivíduos no método "bulk" no melhoramento de plantas autógamas**. 2009. 59 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

SOUZA JÚNIOR, C. L. Comparisons of intra-, interpopulation, and modified recurrent selection methods. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 1, p. 91-105, mar. 1993.

SOUZA JÚNIOR, C. L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-199.

STAM, P.; VAN OEVEREN, A. J. Comparative simulation studies on the effects of selection for quantitative traits in autogamous crop: early selection versus single seed descent. **Heredity**, Cary, v. 69, n. 4, p. 342-351, Oct. 1992.

TAMAKI, H. et al. Modified synthetic varieties: a breeding method for forage crops to exploit specific combining ability. **Plant Breeding**, Berlin, v. 126, n. 1, p. 95-100, 2007.

TOLFO, A. L. T. et al. Parâmetros genéticos para caracteres de crescimento, de produção e tecnológicos da madeira em clones de *Eucalyptus* spp. **Scientia Florestalis**, Piracicaba, n. 67, p. 101-110, Abr. 2005.

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA, MG. **GQMOL**: Genética quantitativa e molecular. Desenvolvido por Cosme Damião Cruz, 2004. Disponível em: <www.ufv.bg/dbg/gqmol/gqmol. htm>. Acesso em: 18 out. 2010.

VEIGA, R. D. et al. Eficiência dos dialelos circulantes na escolha de genitores. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 7, p. 1395-1406, jul. 2000.

VERRYN, S. D. *Eucalyptus* hybrid breeding in South Africa. In: HYBRID BREEDING AND GENETICS OF FOREST TREES, 2000, Noosa. **Proceedings...** Brisbane: Department of Primary Industries, 2000. p. 191-199.

VIANA, J. M. S. Breeding strategies for recurrent selection of maize. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1383-1391, out. 2007.

VIGNERON, P. et al. Eucalypt hybrids breeding in Congo. In: HYBRID BREEDING AND GENETICS OF FOREST TREES, 2000, Noosa. **Proceedings...** Brisbane: Department of Primary Industries, 2000. p. 14-26.

VOLKER, P. W. et al. Genetic parameters and gains expected from selection in *Eucalyptus globulus* in Tasmania. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 39, n. 1, p. 18-28, 1990.

WANG, J. et al. Comparison of two breeding strategies by computer simulation. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 6, p. 1764-1773, Nov./Dec. 2003.

WEBER, W. E.; WRICKE, G. Number of lines for synthetic varieties in rye. Ann. Amelior. **Plant,** Paris, v. 28, p. 667-674, 1978.

APÊNDICES

Tabela 1A Médias, ao longo de 1.000 simulações Monte Carlo, da proporção média de alelos favoráveis, do coeficiente de variação, do mínimo e do máximo da proporção de alelos favoráveis, considerando dominância completa (d = 1) e dominância parcial (d = 0,5), de populações sintéticas contendo n = 2016 e 8064 indivíduos, geradas a partir de s genitores, selecionados a partir de uma população base de 8.000 indivíduos e frequência alélica favorável de 0,2, para um caráter de herdabilidade 1,0.

n	s	Parâmetros	d= 1					d= 0,5				
			Média (CV)*	CV	Mín.	Máx.	A**	Média (CV)	CV	Mín.	Máx.	A
2016	2	Média	28,63 (7,05)	7,84	21,06	36,20	15,14	29,34 (6,83)	7,45	21,95	36,72	14,77
	4		28,28 (6,57)	8,26	20,34	36,11	15,77	28,97 (6,58)	7,70	21,37	36,43	15,06
	8		27,88 (6,41)	8,50	19,78	35,82	16,04	28,51 (6,55)	7,89	20,77	36,04	15,27
	16		27,45 (6,35)	8,67	19,27	35,42	16,15	28,02 (6,60)	8,05	20,27	35,63	15,36
	32		26,97 (6,34)	8,81	18,85	34,95	16,10	27,48 (6,65)	8,19	19,78	35,05	15,27
	64		26,45 (6,44)	8,94	18,33	34,43	16,10	26,91 (6,73)	8,34	19,20	34,52	15,32
8064	2	Média	28,53 (7,09)	7,86	20,18	36,86	16,68	29,40 (7,03)	7,44	21,25	37,55	16,30
	4		28,15 (6,73)	8,29	19,41	36,71	17,30	29,01 (6,80)	7,72	20,58	37,26	16,68
	8		27,75 (6,53)	8,54	18,82	36,45	17,63	28,57 (6,64)	7,90	20,02	36,91	16,89
	16		27,32 (6,47)	8,70	18,37	36,07	17,70	28,07 (6,63)	8,06	19,47	36,45	16,98
	32		26,85 (6,43)	8,84	17,93	35,64	17,71	27,54 (6,69)	8,19	19,01	35,94	16,93
	64		26,33 (6,47)	8,96	17,40	35,14	17,74	26,97 (6,74)	8,33	18,46	35,39	16,93

*Coeficiente de variação da média de alelos favoráveis, ao longo das 1.000 simulações Monte Carlo; **Amplitude.

Tabela 2A Médias, ao longo de 1.000 simulações Monte Carlo, da proporção média de alelos favoráveis, do coeficiente de variação, do mínimo e do máximo da proporção de alelos favoráveis, considerando dominância completa (*d* = 1) e dominância parcial (*d* = 0,5), de populações sintéticas contendo *n* = 2016 e 8064 indivíduos, geradas a partir de *s* genitores, selecionados a partir de uma população base de 8.00 indivíduos e frequência alélica favorável de 0,9, para um caráter de herdabilidade 1,0.

n	**s**	**Parâmetros**	**d= 1**					**d= 0,5**				
			Média (CV)*	**CV**	**Mín.**	**Máx.**	**A****	**Média (CV)**	**CV**	**Mín.**	**Máx.**	**A**
2016	2	Média	91,45 (1,57)	1,60	86,59	96,31	9,72	96,54 (0,78)	0,96	93,62	99,47	5,85
	4		91,47 (1,20)	1,85	85,71	96,72	11,01	96,31 (0,75)	1,02	93,09	99,36	6,27
	8		91,48 (1,02)	1,96	85,18	96,94	11,76	96,03 (0,74)	1,07	92,62	99,23	6,61
	16		91,49 (0,91)	2,02	84,85	97,09	12,24	95,72 (0,74)	1,13	92,12	99,10	6,98
	32		91,50 (0,83)	2,06	84,63	97,16	12,53	95,37 (0,76)	1,18	91,55	98,93	7,38
	64		91,50 (0,80)	2,07	84,53	97,21	12,68	94,99 (0,78)	1,25	90,98	98,74	7,76
8064	2	Média	91,51 (1,56)	1,59	86,19	96,80	10,61	96,54 (0,73)	0,96	93,41	99,67	6,26
	4		91,47 (1,19)	1,84	85,16	97,18	12,02	96,29 (0,71)	1,02	92,79	99,62	6,83
	8		91,48 (0,99)	1,96	84,60	97,40	12,80	96,01 (0,70)	1,08	92,26	99,51	7,25
	16		91,47 (0,88)	2,03	84,14	97,56	13,42	95,70 (0,70)	1,13	91,73	99,36	7,63
	32		91,47 (0,83)	2,06	83,92	97,65	13,73	95,35 (0,72)	1,19	91,17	99,22	8,05
	64		91,47 (0,79)	2,08	83,68	97,69	14,01	94,98 (0,74)	1,25	90,56	99,04	8,48

*Coeficiente de variação da média de alelos favoráveis, ao longo das 1.000 simulações Monte Carlo; **Amplitude.

ANEXO

Programa para gerar sintéticos de populações alógamas, a partir de *s* indivíduos selecionados fenotipicamente de uma população base em equilíbrio de Hardy-Weinberg com *N* indivíduos e frequências alélicas médias de 0,2 e 0,9. Podem-se variar os caracteres genéricos, as classes de população base (variações do tamanho da população e suas frequências alélicas), as condições ambientais (herdabilidades distintas) e os tamanhos das populações sintéticas geradas.

```
# Função para a obtenção da população S0 ordenada por fenótipo
# Dados: N, h2, a, d, Beta (Flag), alpha, beta, g
# E(p) = alpha/(alpha+beta), alpha e beta>1: unimodal

Gera_S0 <- function(N,g,h2,a,d,alpha=2,beta=2,Beta=FALSE)
{
 if (Beta ==TRUE)
 {
   p <- rbeta(g,alpha,beta)
 } else p <- rep(alpha/(alpha+beta),times=g)
 PBS0 <- matrix(c(runif(N*g),rep(0,N*3)),N,g+3)
 esc1 <- matrix(rep(p^2,each=N),N,g)
 esc1 <- cbind(esc1,matrix(-2,N,3))
 PBS0[PBS0<=esc1] <- 2
 esc1 <- matrix(rep(p^2,each=N),N,g)
 esc1 <- matrix(esc1 + rep(2*p*(1-p),each=N),N,g)
 esc1 <- cbind(esc1,matrix(-2,N,3))
 PBS0[PBS0<=esc1] <- 1
 PBS0[(PBS0<1)[,1:g]] <- 0
 Vg <- a^2*(p^2+(1-p)^2)+2*p*(1-p)*d^2
 Vg <- sum(Vg - (a*(2*p-1)+2*p*(1-p)*d)^2)
 Ve <- (1-h2)/h2*Vg
 AABool <- PBS0[,1:g]==2
 AaBool <- PBS0[,1:g]==1
 aaBool <- PBS0[,1:g]==0
 lengthT <- function(x)
 {
   w <- length(x[x==TRUE])
   return(w)
 }
 gi <- apply(AABool,1,lengthT)*a +
      apply(AaBool,1,lengthT)*d -
```

```
      apply(aaBool,1,lengthT)*a
  PBS0[,g+1] <- gi
  PBS0[,g+2] <- rnorm(N,0,Ve^0.5)
  PBS0[,g+3] <- PBS0[,g+1] + PBS0[,g+2]
  PBS0       <- PBS0[order(-PBS0[,g+3]),]
  # retornar o valor ordenado
  return(list(p=p,PBS0=PBS0,Vg=Vg,Ve=Ve))
}
```

Função para obter um filho de um cruzamento entre dois indivíduos com *g* genes.

```
Cruz  <- function(ind1,ind2,g)
{
   descendente <- as.vector(matrix(0,g+3,1))
   for (k in 1:g)
   {
      if ((ind1[k]==2) & ((ind2[k]==2)))
      {
        descendente[k] <- 2
      }
      if ((ind1[k]==2) & ((ind2[k]==1)))
      {
        u <- runif(1)
        if (u<=0.5) descendente[k] <- 2 else
        descendente[k] <- 1
      }
      if ((ind1[k]==2) & ((ind2[k]==0)))
      {
        descendente[k] <- 1
      }
      if ((ind1[k]==1) & ((ind2[k]==2)))
      {
        u <- runif(1)
        if (u<=0.5) descendente[k] <- 1 else
        descendente[k] <- 2
      }
      if ((ind1[k]==1) & ((ind2[k]==1)))
      {
        u <- runif(1)
        if (u<=0.25) descendente[k] <- 2 else
```

```
        if ((u>0.25) & (u<=0.75)) descendente[k] <- 1 else
        descendente[k] <- 0
      }
      if ((ind1[k]==1) & ((ind2[k]==0)))
      {
        u <- runif(1)
        if (u<=0.5) descendente[k] <- 1 else
        descendente[k] <- 0
      }
      if ((ind1[k]==0) & ((ind2[k]==2)))
      {
        descendente[k] <- 1
      }
      if ((ind1[k]==0) & ((ind2[k]==1)))
      {
        u <- runif(1)
        if (u<=0.5) descendente[k] <- 0 else
        descendente[k] <- 1
      }
      if ((ind1[k]==0) & ((ind2[k]==0)))
      {
        descendente[k] <- 0
      }
    }
    return(descendente)
}
```

Função para obter os sintéticos combinando *s* genitores selecionados pelo fenótipo (seleção massal) da população base. O sintético será de tamanho *n*. A variância ambiental utilizada nas populações sintéticas será a mesma da população base S0.

```
Gera_Sint <- function(S0,s=2,n=2016,g,a,d)
{
  Sints <- matrix(0,n,g+3)
  IdentPais <- function(genitores)
  {
    ind1 <- S0$PBS0[genitores[1],]
    ind2 <- S0$PBS0[genitores[2],]
    descendente <- Cruz(ind1,ind2,g)
    return(descendente)
```

```
  }
  sampleS <- function(x)
  {
    w <- sample(s,2)
    return(w)
  }
  pais  <- t(apply(Sints,1,sampleS))
  Sints <- t(apply(pais,1,IdentPais))
  AABool <- Sints[,1:g]==2
  AaBool <- Sints[,1:g]==1
  aaBool <- Sints[,1:g]==0
  lengthT <- function(x)
  {
    w <- length(x[x==TRUE])
    return(w)
  }
  gi <- apply(AABool,1,lengthT)*a +
       apply(AaBool,1,lengthT)*d -
       apply(aaBool,1,lengthT)*a
  Sints[,g+1] <- gi
  Sints[,g+2] <- rnorm(n,0,S0$Ve^0.5)
  Sints[,g+3] <- Sints[,g+1] + Sints[,g+2]
  Sints      <- Sints[order(-Sints[,g+3]),]
  return(Sints)
}
```

Função para obter as estatísticas descritivas do sintético de tamanho *n* com *g* genes. Será obtida a porcentagem de alelos favoráveis de cada indivíduo: G1, G2, G3,..., Gn e, posteriormente, serão obtidos média, CV, mínimo e máximo de alelos favoráveis.

```
Est_Desc_Sint <- function(Sint,g)
{
 GeneFavor <- apply(Sint[,1:g],1,sum)/(2*g)*100
 MedAF     <- mean(GeneFavor)
 if (MedAF == 0) CVAF <- 0 else
 CVAF      <- sd(GeneFavor)/MedAF*100
 minAF     <- min(GeneFavor)
 maxAF     <- max(GeneFavor)
 GeneFavor <- Sint[,(g+3)]
 return(list(MedAF=MedAF,CVAF=CVAF,minAF=minAF,maxAF=maxAF))
```

```
}


# Especificação dos parâmetros da simulação Monte Carlo
NSMC <- 1000
N      <- 2000; g <- 100; a <- 1; d <- 1
h2     <- 0.1; alpha <- 2; beta <- 8; Beta = T
n      <- 2016
pm     <- alpha/(alpha+beta)
pm


# Cada linha de Result possui um resultado da simulação Monte Carlo. As
quatro primeiras colunas do sintético s=2, as quatro seguintes do sintético s=4 e
assim por diante, até s=64 (total de 24 colunas) (média, CV, mínimo e máximo
de alelos favoráveis).

Result <- matrix(0,NSMC,24)
for (ii in 1: NSMC)
{
  S0   <- Gera_S0(N,g,h2,a,d,alpha,beta,Beta)
  for (jj in 1:6)
  {
    if (jj==1) s  <- 2 else s <- 2*s
    Sins  <- Gera_Sint(S0,s,n,g,a,d)
    EDSs  <- Est_Desc_Sint(Sins,g)
    jind  <- (jj-1)*4 + 1
    Result[ii,jind]   <- EDSs$MedAF
    Result[ii,jind+1] <- EDSs$CVAF
    Result[ii,jind+2] <- EDSs$minAF
    Result[ii,jind+3] <- EDSs$maxAF
  }
}
apply(Result,2,mean) # média
apply(Result,2,min)  # mínimo
apply(Result,2,max)  # máxim
apply(Result,2,sd)/apply(Result,2,mean)*100 # CV
save.image("Config1.RData")
```

Livros Grátis

(http://www.livrosgratis.com.br)

Milhares de Livros para Download:

Baixar livros de Administração
Baixar livros de Agronomia
Baixar livros de Arquitetura
Baixar livros de Artes
Baixar livros de Astronomia
Baixar livros de Biologia Geral
Baixar livros de Ciência da Computação
Baixar livros de Ciência da Informação
Baixar livros de Ciência Política
Baixar livros de Ciências da Saúde
Baixar livros de Comunicação
Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE
Baixar livros de Defesa civil
Baixar livros de Direito
Baixar livros de Direitos humanos
Baixar livros de Economia
Baixar livros de Economia Doméstica
Baixar livros de Educação
Baixar livros de Educação - Trânsito
Baixar livros de Educação Física
Baixar livros de Engenharia Aeroespacial
Baixar livros de Farmácia
Baixar livros de Filosofia
Baixar livros de Física
Baixar livros de Geociências
Baixar livros de Geografia
Baixar livros de História
Baixar livros de Línguas

Baixar livros de Literatura
Baixar livros de Literatura de Cordel
Baixar livros de Literatura Infantil
Baixar livros de Matemática
Baixar livros de Medicina
Baixar livros de Medicina Veterinária
Baixar livros de Meio Ambiente
Baixar livros de Meteorologia
Baixar Monografias e TCC
Baixar livros Multidisciplinar
Baixar livros de Música
Baixar livros de Psicologia
Baixar livros de Química
Baixar livros de Saúde Coletiva
Baixar livros de Serviço Social
Baixar livros de Sociologia
Baixar livros de Teologia
Baixar livros de Trabalho
Baixar livros de Turismo