

# SISTEMA "SELEGEN" - SELEÇÃO GENÉTICA COMPUTADORIZADA PARA O MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES<sup>1</sup>

MARCOS DEON VILELA DE RESENDE<sup>2</sup> e EDILSON BATISTA DE OLIVEIRA<sup>3</sup>

**RESUMO** - O software Selegen foi desenvolvido para subsidiar o melhoramento genético de espécies florestais; entretanto, pode ser utilizado para outras espécies vegetais perenes ou semi-perenes e animais, em que a seleção de indivíduos prevalece sobre a seleção de grupos de indivíduos. Desenvolvido para ambiente IBM/PC-DOS, o programa é fundamentado em algoritmos que maximizam a eficiência do processo seletivo, mediante a comparação de vários métodos de seleção, com vistas a diferentes situações experimentais, em termos de acurácia, ganho genético, tamanho efetivo e variáveis de ganhos genéticos. Neste trabalho são apresentados os aspectos que devem ser considerados nos métodos destinados à seleção de indivíduos, e são apresentadas análises que podem ser realizadas com o software.

Termos para indexação: software, genética quantitativa, florestas.

## SELEGEN - A COMPUTER PROGRAM FOR GENETIC SELECTION IN THE BREEDING OF PERENNIAL SPECIES

**ABSTRACT** - "Selegen" software was developed to help tree breeding programs of forest species, but it can also be used in breeding programs of other perennial or semi-perennial species and animal where selection of individuals is more important than selection of groups of individuals. Selegen runs under IBM/PC-DOS and is based on algorithms which maximize efficiency of selection by comparing different selection methods in terms of accuracy, genetic gain, effective size of population, and genetic gain variables for each specific experimental situation. This paper presents aspects which should be considered in methods for selection of individuals and all analysis which can be made by the program.

Index terms: software, quantitative genetics, forests.

## INTRODUÇÃO

A adoção de estratégias eficientes de melhoramento genético de espécies perenes depende, sobretudo, da utilização de acurados métodos de seleção. Assim, é recomendável a comparação de diversos métodos de seleção, visando à determinação do mais eficiente a cada situação experimental.

Neste contexto, torna-se imprescindível a disponibilidade de um software que compare vários métodos de seleção, em termos de acurácia, ganho genético, tamanho efetivo, variância de ganhos genéticos, dentre outros. Assim, o software Selegen foi desenvolvido para servir de base ao melhoramento genético florestal. Todavia, pode ser utilizado para a seleção genética de quaisquer indivíduos pertencentes a espécies vegetais perenes ou semi-perenes, como espécies frutíferas, e animais. Nestas espécies, a seleção de um indivíduo é preponderante à seleção de grupos de indivíduos (exemplo: família).

Neste trabalho são apresentados aspectos do referido software, visando fornecer alguns aspectos de sua base estatística e informações sobre suas potencialidades.

## MÉTODOS

O software Selegen foi desenvolvido para ambiente IBM/PC-DOS. É fundamentado em algoritmos que maximizam a eficiência do processo seletivo, para diferentes situações experimentais. Os métodos de seleção que possui são recomendáveis para o melhoramento de espécies perenes, e consideram os aspectos como:

- seleção, a partir da avaliação de um pequeno número de indivíduos por família;
- equivalência entre unidades de seleção e unidades de recombinação;
- seleção com base em múltiplas características;
- avaliações em várias idades;
- quantificação do tamanho efetivo populacional;

<sup>1</sup> Aceito para publicação em 3 de janeiro de 1997.

<sup>2</sup> Eng. Agr., M.Sc., Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Florestas (CNPFF), Caixa Postal 319, CEP 83411-000 Colombo, PR.

<sup>3</sup> Eng. Agr., Dr., Embrapa-CNPFF.

- relevância da restrição do incremento da endogamia nos métodos de seleção;
- relevância do estabelecimento de distintas populações de produção de propágulos melhorados e de melhoramento;
- diferentes herdabilidades efetivas, associadas aos diferentes indivíduos;
- diferentes quantidades e precisão das informações associadas aos candidatos à seleção;
- primeiros momentos dos dados não estimados com precisão pelo método dos quadrados mínimos ordinários;
- heterogeneidade associada aos segundos momentos dos dados.

O Selegen viabiliza a aplicação, em larga escala, de métodos de genética quantitativa, relacionados a seguir, com as respectivas citações de artigos que serviram de base: seleção individual e seleção entre e dentro de progênies (Kageyama & Vencovsky, 1983); seleção entre e dentro de progênies com equivalência entre unidade de seleção e unidade de recombinação (Resende, 1991); índice de seleção multivariado (Resende et al., 1990); estimação de valores genéticos e índice de seleção univariado utilizando informações de parentes (Bueno Filho, 1992; Resende & Higa, 1994a); índice de seleção univariado e multi-efeitos (Resende & Higa, 1994b); índice de seleção incluindo avaliações repetidas no tempo e índice de seleção multivariado, combinando informações de parentes (Resende et al., 1994); predição de valores genéticos com dados desbalanceados (Resende et al., 1993); seleção em populações com sistema reprodutivo misto (Resende et al., 1995); seleção em espécies florestais autógamas (Resende & Medrado, 1994); acurácia na seleção (Resende, 1995); quantificação do tamanho efetivo populacional e restrição à endogamia (Resende & Bertolucci, 1995).

No tocante a outros aspectos relacionados à predição de valores genéticos e à seleção, serviram de base Henderson (1963, 1977, 1984), Van Vleck et al. (1987), White & Hodge (1989) e Minvielle (1990); e em relação ao tema tamanho efetivo populacional, serviram de base Crow & Kimura (1970) e Vencovsky (1978).

O sistema está fundamentado em algoritmos que maximizam a eficiência da seleção em função de diferentes situações experimentais. Possui 42 métodos de seleção, 14 univariados e 28 multivariados, o que torna possível, de acordo com os objetivos da seleção, um máximo aproveitamento das diversas variáveis avaliadas nos indivíduos. A seleção é baseada no valor genético (breeding value) de cada indivíduo. Esse valor pode ser aplicado em espécies alógamas (monóicas e dióicas) ou autógamas, e com sistema reprodutivo misto, desde que se conheça a taxa de autofecundação.

#### Módulos básicos

São três os módulos básicos:

1. best prediction;
2. best linear prediction;

#### 3. best linear unbiased prediction.

O termo "best prediction", conforme Henderson (1977), implica na utilização de um mesmo grupo de pesos (ponderadores das informações fenotípicas), geralmente para todos os candidatos à seleção. Já os termos "best linear prediction" e "best linear unbiased prediction" implicam na utilização de diferentes pesos na predição de valores genéticos associados a diferentes indivíduos, referindo-se, respectivamente, a situações em que o primeiro e segundo momentos dos dados são, ou não, estimados com precisão pelo método dos quadrados mínimos ordinários.

#### Análises fornecidas

As análises fornecidas pelo Selegen são:

1. Análise de variâncias e médias:
  - quadros de análise de variância e teste F;
  - coeficientes de variação e médias de blocos e progênies.
2. Parâmetros genéticos e fenotípicos - análise univariada:
  - componentes da variação fenotípica;
  - coeficientes de herdabilidade;
  - coeficientes de correlação intraclasse;
  - acurácias por diferentes métodos de seleção univariada;
  - desvio-padrão do coeficiente de herdabilidade de indivíduo.
3. Seleção univariada e respostas correlacionadas:
  - 3.1. seleção para pomar de sementes por mudas:
    - individual no bloco;
    - combinada no bloco;
    - índice multi-efeitos no bloco.
  - 3.2. seleção para pomar de sementes clonal ou população de melhoramento:
    - individual no experimento;
    - combinada no experimento;
    - índice multi-efeitos no experimento.
  - 3.3. seleção de parentais
  - 3.4. seleção de progênies
  - 3.5. seleção de irmãos
  - 3.6. seleção dentro de progênies
  - 3.7. seleção para plantio monoprognies e oligoprognies (sem desbaste)
  - 3.8. seleção entre e dentro de progênies no experimento
  - 3.9. seleção entre e dentro de progênies no bloco. Fornece para cada procedimento de seleção univariada:
    - valor genético de cada indivíduo do experimento, na variável objetivo da seleção;
    - valor genético de cada indivíduo, nas demais variáveis analisadas;
    - ganho genético na variável objetivo da seleção;
    - ganho genético correlacionado nas demais variáveis analisadas;
    - tamanho efetivo populacional;
    - nova média do material genético após a seleção, em todas as variáveis;
    - ordem do "ranking" por seleção direta, em variáveis selecionadas indiretamente.

4. Análise de covariância e correlação:
  - matrizes de produtos médios;
  - matrizes de covariância genética;
  - matrizes de covariância fenotípica;
  - matrizes de correlação genética;
  - matrizes de correlação fenotípica;
  - desvios-padrões das correlações genéticas.
5. Parâmetros genéticos e fenotípicos - análise multivariada:
  - 5.1. objetivo da seleção: um caráter:
    - coeficientes de predição genética associados aos vários efeitos;
    - acurácias por diferentes métodos de seleção.
  - 5.2. objetivo da seleção: agregado genotípico:
    - acurácias por diferentes métodos de seleção.
6. Seleção multivariada e respostas correlacionadas:
  - 6.1. objetivo da seleção: (um caráter)
    - 6.1.1. seleção em pomar de sementes por mudas:
      - individual no bloco;
      - combinada no bloco;
      - índice multi-efeitos no bloco.
    - 6.1.2. seleção em pomar de sementes clonal ou população de melhoramento:
      - individual no experimento;
      - combinada no experimento;
      - índice multi-efeitos no experimento.
    - 6.1.3. seleção de parentais
    - 6.1.4. seleção de progênies
    - 6.1.5. seleção de irmãos
    - 6.1.6. seleção dentro de progênies
    - 6.1.7. seleção para plantio monoprogênies e oligoprogênies (sem desbaste)
    - 6.1.8. seleção entre e dentro de progênies no experimento
    - 6.1.9. seleção entre e dentro de progênies no bloco. Fornece para cada procedimento de seleção multivariada, objetivando ganho em um só caráter:
      - valor genético de cada indivíduo do experimento, na variável objetivo da seleção;
      - valor genético de cada indivíduo, nas demais variáveis analisadas;
      - ganho genético na variável objetivo da seleção;
      - ganho genético correlacionado nas demais variáveis analisadas;
      - tamanho efetivo populacional;
      - nova média do material genético após a seleção, em todas as variáveis;
      - ordem do "ranking" por seleção direta, nas variáveis selecionadas indiretamente.
  - 6.2. Objetivo da seleção: (agregado genotípico)
    - 6.2.1. seleção em pomar de sementes por mudas:
      - individual no bloco;
      - combinada no bloco;
      - índice multi-efeitos no bloco.
    - 6.2.2. seleção em pomar de sementes clonal, ou população de melhoramento:
      - individual no experimento;
      - combinada no experimento;
      - índice multi-efeitos no experimento.
    - 6.2.3. seleção de parentais
    - 6.2.4. seleção de progênies
    - 6.2.5. seleção de irmãos
    - 6.2.6. seleção dentro de progênies
    - 6.2.7. seleção em plantio monoprogênies e oligoprogênies (sem desbaste).
    - 6.2.8. seleção entre e dentro de progênies no experimento
    - 6.2.9. seleção entre e dentro de progênies no bloco. Fornece para cada procedimento de seleção multivariada, objetivando ganho no agregado genotípico:
      - valor genético de cada indivíduo do experimento, no agregado genotípico;
      - valor genético de cada indivíduo, nas variáveis individualmente;
      - ganho genético no agregado genotípico;
      - ganho genético correlacionado em cada variável;
      - tamanho efetivo populacional;
      - nova média do material genético após a seleção, em todas as variáveis e no índice de seleção;
      - ordem do "ranking", por seleção direta das variáveis selecionadas indiretamente.
7. Otimização da seleção em função do tamanho efetivo e da endogamia:
  - 7.1. melhor pomar biclonal
  - 7.2. pomar de sementes clonal
  - 7.3. população de melhoramento
  - 7.4. pomar de sementes clonal - restrição de N máx ind/fam
  - 7.5. população de melhoramento - restrição de N máx ind/fam
  - 7.6. pomar de sementes por mudas (restrição de 1 ind/fam/bloco)
  - 7.7. pomar de sementes testado
  - 7.8. seleção em plantios monoprogênies e oligoprogênies (com desbaste)
8. Seleção em testes clonais:
  - 8.1. análise de variância e médias
  - 8.2. parâmetros genéticos e fenotípicos
  - 8.3. seleção clonal univariada
  - 8.4. seleção clonal multivariada
    - 8.4.1. objetivo da seleção: um caráter
    - 8.4.2. objetivo da seleção: agregado genotípico
9. Ordenamento de valores genéticos:
  - seleção envolvendo vários experimentos em um mesmo local;
  - seleção envolvendo diferentes procedências.
10. Inspeção de matrizes algébricas:
  - autovalores;
  - autovetores.
11. Seleção de cruzamentos/predição da descendência.
12. Delineamentos de cruzamento/planejamento da população experimental.
13. Intervalo de confiança/desvio padrão de ganhos genéticos.

14. Seleção empregando parâmetros genéticos conhecidos.  
15. Seleção de indivíduos para plantios/testes clonais.

Estas análises permitem considerar as peculiaridades associadas à avaliação e seleção de indivíduos superiores, tais como: pequeno número de indivíduos por família nos experimentos; equivalência entre unidade de seleção e unidade de recombinação, importância da seleção com base em múltiplas características; avaliações em várias idades ou estádios de desenvolvimento; importância da quantificação do tamanho efetivo populacional; relevância

da restrição ao incremento da endogamia nos métodos de seleção; relevância do estabelecimento de distintas populações de produção de propágulos melhorados e de melhoramento, dentre outras.

## RESULTADOS

Nas Tabelas 1, 2, e 3 são apresentados exemplos de algumas saídas do Selegen, referentes à análise

**TABELA 1. Resultados referentes a parâmetros genéticos e fenotípicos - análise univariada. Variável: diâmetro à altura do peito.**

Parâmetros genéticos e fenotípicos	Estimativa
<b>Variância</b>	
Dentro de parcelas	5,8672
Ambiental entre parcelas	0,5187
Entre progênies	0,2722
Entre blocos	0,3212
Genética aditiva	1,0888
Fenotípica entre médias de progênies	0,5530
Fenotípica	6,9793
<b>Herdabilidade dos efeitos</b>	
De indivíduo na parcela	0,1392
De progênies	0,5411
De parcela	0,0963
De blocos	0,0132
De indivíduo no bloco	0,1635
De indivíduo no experimento	0,1560
De indivíduo dentro de progênies	0,1239
<b>Coefficientes de correlação intraclasses (sem ajuste para efeito de bloco)</b>	
Entre indiv. de uma mesma família em diferentes blocos	0,0390
Entre indiv. de uma mesma família no mesmo bloco	0,1593
Entre indiv. de diferentes famílias no mesmo bloco	0,0460
<b>Coefficientes de correlação intraclasses (com ajuste para efeito de bloco)</b>	
Entre indiv. de uma mesma família em diferentes blocos	0,0409
Entre indiv. de uma mesma família no mesmo bloco	0,1188
<b>Acurácias associadas às unidades de seleção univariadas (pomar de sementes por mudas)</b>	
Individual no bloco	0,4044
Combinada no bloco	0,4773
Índice multi-efeitos no bloco	0,4893
<b>Acurácias associadas às unidades de seleção univariadas (pomar de sementes clonal, população de melhoramento)</b>	
Individual no experimento	0,3950
Combinada no experimento	0,4773
Índice multi-efeitos no experimento	0,4894
<b>Acurácias associadas às unidades de seleção</b>	
Efeito de indivíduo na parcela	0,2892
Efeito de progênies	0,3798
<b>Seleção de parentais (pomar de sementes testado)</b>	
Herdabilidade	0,9845
Acurácia	0,6909
<b>Seleção de irmãos (recombinação via sementes remanescentes)</b>	
Herdabilidade	0,4922
Acurácia	0,3454

TABELA 2. Resultados da seleção univariada e respostas correlacionadas - método índice multi-efeitos no experimento<sup>1</sup>.

Ordem	Bloco	Progênie	Árvore	Valor genético	Ganho acumulado	Ganho acumulado (%)	Nova média	Tamanho efetivo populacional
Variável: diâmetro à altura do peito								
1	5	11	6	1,8020	1,8020	14,1319	14,5535	1,0000
2	4	42	6	1,4472	1,6246	12,7405	14,3761	2,0000
3	5	104	3	1,3598	1,5364	12,0484	14,2879	3,0000
4	2	2	2	1,3530	1,4905	11,6890	14,2420	4,0000
5	2	104	5	1,2756	1,4475	11,3518	14,1990	4,4944
6	2	91	1	1,2575	1,4159	11,1034	14,1674	5,4962
7	4	8	5	1,2500	1,3922	10,9176	14,1437	6,4972
8	3	104	3	1,2350	1,3725	10,7635	14,1240	6,6207
9	6	104	2	1,2280	1,3564	10,6376	14,1080	6,5454
10	4	91	1	1,2158	1,3424	10,5273	14,0939	7,2115
11	4	42	4	1,2036	1,3298	10,4284	14,0813	7,8870
12	4	104	5	1,1899	1,3181	10,3370	14,0696	7,7419
13	2	42	1	1,1613	1,3061	10,2424	14,0576	8,1873
14	4	45	2	1,1243	1,2931	10,1406	14,0446	9,0812
15	2	42	3	1,1168	1,2813	10,0484	14,0328	9,2966
16	3	42	4	1,0898	1,2693	9,9545	14,0209	9,3455
17	2	93	5	1,0823	1,2583	9,8683	14,0099	10,2060
18	5	42	5	1,0817	1,2485	9,7913	14,0000	10,1081
19	4	36	4	1,0707	1,2392	9,7179	13,9907	10,9509
20	2	104	6	1,0543	1,2299	9,6454	13,9814	10,9070
21	3	4	1	1,0423	1,2210	9,5753	13,9725	11,7348
22	2	42	2	1,0277	1,2122	9,5064	13,9637	11,5728
23	1	1	5	1,0264	1,2041	9,4430	13,9556	12,3822
24	3	36	5	1,0170	1,1963	9,3819	13,9478	13,0344
25	1	91	5	1,0006	1,1885	9,3205	13,9400	13,5268
26	1	91	4	0,9797	1,1805	9,2575	13,9320	13,8628
27	1	93	3	0,9794	1,1730	9,1991	13,9245	14,5166
28	2	42	4	0,9400	1,1647	9,1338	13,9162	14,2628
29	3	91	5	0,9349	1,1568	9,0717	13,9083	14,4841
30	5	8	6	0,9166	1,1488	9,0089	13,9003	15,1249
Resposta correlacionada na variável: altura								
52	5	11	6	0,9941	0,9941	5,1338	20,3583	1,0000
1	4	42	6	1,9752	1,4846	7,6670	20,8488	2,0000
109	5	104	3	0,7774	1,2489	6,4496	20,6131	3,0000
45	2	2	2	1,0246	1,1928	6,1600	20,5570	4,0000
14	2	104	5	1,2894	1,2121	6,2597	20,5763	4,4944
30	2	91	1	1,0954	1,1927	6,1592	20,5569	5,4962
8	4	8	5	1,4733	1,2328	6,3662	20,5969	6,4972
10	3	104	3	1,4297	1,2574	6,4934	20,6216	6,6207

Continua...

TABELA 2. Continuação.

Ordem	Bloco	Progênie	Árvore	Valor genético	Ganho acumulado	Ganho acumulado (%)	Nova média	Tamanho efetivo populacional
20	6	104	2	1,1642	1,2470	6,4399	20,6112	6,5454
81	4	91	1	0,8737	1,2097	6,2471	20,5739	7,2115
6	4	42	4	1,4967	1,2358	6,3818	20,6000	7,8870
95	4	104	5	0,8196	1,2011	6,2027	20,5653	7,7419
2	2	42	1	1,8249	1,2491	6,4505	20,6133	8,1873
56	4	45	2	0,9702	1,2292	6,3476	20,5933	9,0811
26	2	42	3	1,1072	1,2210	6,3056	20,5852	9,2966
15	3	42	4	1,2876	1,2252	6,3271	20,5894	9,3455
63	2	93	5	0,9279	1,2077	6,2368	20,5719	10,2059
23	5	42	5	1,1218	1,2029	6,2122	20,5671	10,1081
208	4	36	4	0,5360	1,1678	6,0309	20,5320	10,9509
18	2	104	6	1,1698	1,1679	6,0314	20,5321	10,9070
142	3	4	1	0,6710	1,1443	5,9092	20,5084	11,7348
12	2	42	2	1,3464	1,1535	5,9567	20,5176	11,5728
51	1	1	5	0,9970	1,1467	5,9215	20,5108	12,3822
383	3	36	5	0,2516	1,1094	5,7289	20,4735	13,0344
73	1	91	5	0,8931	1,1007	5,6843	20,4649	13,5268
72	1	91	4	0,8931	1,0927	5,6435	20,4569	13,8628
49	1	93	3	1,0104	1,0897	5,6273	20,4539	14,5166
13	2	42	4	1,3464	1,0988	5,6746	20,4630	14,2628
100	3	91	5	0,8010	1,0886	5,6216	20,4528	14,4841
29	5	8	6	1,1009	1,0890	5,6237	20,4532	15,1249

<sup>1</sup> Seleção de pomar de sementes clonal ou população de melhoramento; seleção índice multi-efeitos no experimento; número total de registros: 1188; percentual selecionado: 2,53%; número de indivíduos selecionados: 30.

TABELA 3. Resultados da otimização da seleção em função do tamanho efetivo e da endogamia<sup>1</sup>.

Ordem	Bloco	Progênie	Árvore	Valor genético	Ganho acumulado	Ganho acumulado (%)	Nova média	Tamanho efetivo populacional	Ganho acumulado corrigido	Ganho acumulado corrigido (%)
I: Indivíduos de diferentes progênies										
1	5	11	6	1,8020	1,8020	14,1318	14,5535	1,0000	0,9010	7,0660
2	4	42	6	1,4472	1,6246	12,740	14,3761	2,0000	1,2185	9,5554
3	5	104	3	1,3598	1,5364	12,048	14,2879	3,0000	1,2803	10,040
4	2	2	2	1,3530	1,4905	11,6890	14,2420	4,0000	1,3042	10,2278
5	2	91	1	1,2575	1,4439	11,3234	14,1954	5,0000	1,2995	10,1911
6	4	8	5	1,2500	1,4116	11,0699	14,1631	6,0000	1,2940	10,1474
7	4	45	2	1,1243	1,3705	10,7481	14,1221	7,0000	1,2726	9,9804
8	2	93	5	1,0823	1,3345	10,4655	14,0860	8,0000	1,2511	9,8115

Continua...

TABELA 3. Continuação.

Ordem	Bloco	Progênie	Árvore	Valor genético	Ganho acumulado	Ganho acumulado (%)	Nova média	Tamanho efetivo populacional	Ganho acumulado corrigido	Ganho acumulado corrigido (%)
9	4	36	4	1,0707	1,3052	10,2356	14,0567	9,0000	1,2327	9,6670
10	3	4	1	1,0423	1,2789	10,0295	14,0304	10,0000	1,2150	9,5280
11	1	1	5	1,0264	1,2560	9,8494	14,0075	11,0000	1,1989	9,4018
12	2	40	6	0,8053	1,2184	9,5549	13,9699	12,0000	1,1676	9,1569
13	5	41	1	0,7241	1,1804	9,2568	13,9319	13,0000	1,1350	8,9008
4	3	38	2	0,7241	1,1478	9,0012	13,8993	14,0000	1,1068	8,6797
15	2	43	2	0,7031	1,1181	8,7687	13,8697	15,0000	1,0809	8,4764
2: Ordenamento sem restrição										
1	5	116	6	1,8020	1,8020	14,1319	14,5535	1,0000	0,9010	7,0658
2	4	42	6	1,4472	1,6246	12,7405	14,3761	2,0000	1,2185	9,5557
3	5	104	3	1,3598	1,5364	12,0484	14,2879	3,0000	1,2803	10,0404
4	2	2	2	1,3530	1,4905	11,6890	14,2420	4,0000	1,3042	10,2278
5	2	104	5	1,2756	1,4475	11,3518	14,1990	4,4944	1,2865	10,0890
6	2	91	1	1,2575	1,4159	11,1034	14,1674	5,4962	1,2870	10,0929
7	4	8	5	1,2500	1,3922	10,9176	14,1437	6,4972	1,2850	10,0772
8	3	104	3	1,2350	1,3725	10,7635	14,1240	6,6207	1,2689	9,9510
9	6	104	2	1,2280	1,3564	10,6376	14,1080	6,5454	1,2528	9,8247
10	4	91	1	1,2158	1,3424	10,5273	14,0939	7,2115	1,2493	9,7973
11	4	42	4	1,2036	1,3298	10,4284	14,0813	7,8870	1,2455	9,7675
12	4	104	5	1,1899	1,3181	10,3370	14,0696	7,7419	1,2330	9,6695
13	2	42	1	1,1613	1,3061	10,2424	14,0576	8,1873	1,2263	9,6169
14	4	45	2	1,1243	1,2931	10,1406	14,0446	9,0811	1,2219	9,5824
15	2	42	3	1,1168	1,2813	10,0484	14,0328	9,2966	1,2124	9,5079
16	3	42	4	1,0898	1,2693	9,9545	14,0205	9,3455	1,2014	9,4216
17	2	93	5	1,0823	1,2583	9,8683	14,0080	10,2059	1,1967	9,3848
18	5	42	5	1,0817	1,0817	9,7913	14,0000	10,1081	1,1868	9,3071
19	4	36	4	1,0707	1,2392	9,7179	14,0000	10,9509	1,1826	9,2742
20	2	104	6	1,0543	1,2299	9,6454	14,0000	10,9070	1,1735	9,2028
21	3	4	1	1,0423	1,2210	9,5753	14,0000	11,7348	1,1690	9,1675
22	2	42	2	1,0277	1,2122	9,5064	14,0000	11,5728	1,1598	9,0954
23	1	1	5	1,0264	1,2041	9,4430	14,0000	12,3822	1,1555	9,0617
24	3	36	5	1,0170	1,1963	9,3819	14,0000	13,0344	1,1504	9,0217
25	1	91	5	1,0006	1,1885	9,3205	14,0000	13,5268	1,1446	8,9762
26	1	91	4	0,9797	1,1805	9,2575	14,0000	13,8628	1,1379	8,9237
27	1	93	3	0,9794	1,1730	9,1991	14,0000	14,5166	1,1326	8,8821
28	2	42	4	0,9400	1,1697	9,1338	14,0000	14,2628	1,1239	8,8139
29	3	91	5	0,9349	1,1568	9,0717	14,0000	14,4841	1,1168	8,7582
30	5	8	6	0,9166	1,1488	9,0089	14,0000	15,1249	1,1108	8,7111
Seleção ótima										
1	5	11	6	1,8020	1,8020	14,1319	14,5535	1,0000	0,9010	7,0659
2	4	42	6	1,4472	1,6246	12,7405	14,3761	2,0000	1,2185	9,5554
3	5	104	3	1,3598	1,5364	12,0484	14,2879	3,0000	1,2803	10,0403
4	2	2	2	1,3530	1,4905	11,6890	14,2420	4,0000	1,3042	10,2279

<sup>1</sup> Variável: diâmetro à altura do peito; otimização da seleção, em função do tamanho efetivo e da endogamia; pomar de sementes clonal; seleção univariada e respostas correlacionadas; seleção para pomar de sementes clonal; seleção índice multi-efeitos no experimento.

de um experimento de *Eucalyptus grandis*, aos três anos de idade, 35 progênies, instalado no delineamento de blocos ao acaso, com seis repetições, e seis árvores por parcela.

### CONCLUSÕES

1. As potencialidades do Selegen são bastante amplas, pois ele permite trabalhar com vários sistemas reprodutivos e dezenas de métodos de seleção.
2. O Selegen permite o delineamento de programas de melhoramento para a obtenção de máximos progressos genéticos imediatos, porém compatíveis com a manutenção de variabilidade genética suficiente para o melhoramento a longo prazo.
3. O Selegen subsidia a tomada de decisões quanto à seleção.
4. O Selegen possibilita o planejamento dos cruzamentos e da população experimental do ciclo seguinte de seleção.
5. As informações geradas levam em consideração o sistema de propagação (sexuada ou assexuada) a ser empregado na geração comercial.

### AGRADECIMENTOS

A Luiz Cândido Melinski, Fernando Silvera Goulart e Gerson Rino Prantl Oaida, que compõem a equipe de programadores do Sistema Selegen.

### REFERÊNCIAS

- BUENO FILHO, J.S.S. Seleção combinada versus seleção seqüencial no melhoramento de populações florestais. Piracicaba: ESALQ, 1992. 96p. Tese de Mestrado.
- CROW, J.F.; KIMURA, M. An introduction to population genetics theory. New York: Harper & Row, 1970. 591p.
- HENDERSON, C.R. Applications of linear models in animal breeding. Ontario: Univ. of Guelph, 1984. 462p.
- HENDERSON, C.R. Prediction of future records. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 1976, Ames, IA. Proceedings... Ames, IA: Iowa State Univ. Press, 1977. p.615-638.
- HENDERSON, C.R. Selection index and expected genetic advance. In: HANSON, W.D.; ROBISON, H.F. (Eds.). Statistical genetics and plant breeding. Washington, DC: National Academy of Sciences / National Research Council, 1963. p.141-163. (NAS/NRC, 982). A Symposium and Workshop sponsored by the Committee on Plant Breeding and Genetics of the Agricultural Board.
- KAGEYAMA, P.Y.; VENCOSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* Hill Maiden. IPEF, Piracicaba v.24, p.9-26, 1983.
- MINVIELLE, F. Principes d'amélioration génétique des animaux domestiques. Quebec: Les Presses de l' Univ. Laval, 1990. 21p.
- RESENDE, M.D.V. de. Correções nas expressões do progresso genético com seleção em função da amostragem finita dentro de famílias e populações e implicações no melhoramento florestal. Boletim de Pesquisa Florestal, Colombo, n.22/23, p.61-77, 1991.
- RESENDE, M.D.V. de. Seleção precoce no melhoramento genético florestal. In: WORKSHOP: Métodos de Seleção, 1994, Belo Horizonte. Viçosa, MG: UFV/SIF, 1995. p.58-73.
- RESENDE, M.D.V. de; BERTOLUCCI, F.L.G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: POTTS, B.M.; BORRALHO, N.M.G.; REID, J.B.; CROMER, R.N.; TIBBITS, W.N.; RAYMOND, C.A. (Eds.). *Eucalyptus plantations: improving fibre yield and quality*. Sandy Bay: CRCTHF, 1995. p.191-193. Proceedings papers from the CRCTHF/IUFRO Conference realized during 1995, in Hobart, Australia.
- RESENDE, M.D.V. de; HIGA, A.R. Estimação de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e seus parentes. Boletim de Pesquisa Florestal, Colombo, n.28/29, p.11-36, 1994a.
- RESENDE, M.D.V. de; HIGA, A.R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. Boletim de Pesquisa Florestal, Colombo, n.28/29, p.37-55, 1994b.

- RESENDE, M.D.V. de; HIGA, A.R.; LAVORANTI, O.J. Predição de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*; melhor predição linear. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 7., 1993, Curitiba. Anais... São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 1993. p.144-147.
- RESENDE, M.D.V. de; HIGA, A.R.; LAVORANTI, O.J. Regressão geno-fenotípica multivariada e maximização do progresso genético em programas de melhoramento de *Eucalyptus*. *Boletim de Pesquisa Florestal*, Colombo, n.28/29, p.57-71, 1994.
- RESENDE, M.D.V. de; MEDRADO, M.J.S. Aspectos metodológicos no melhoramento genético de *Leucaena leucocephala*, uma espécie florestal autógama. In: CONGRESSO BRASILEIRO SOBRE SISTEMAS AGROFLORESTAIS, 1., 1994, Porto Velho. Anais... Colombo: Embrapa-CNPQ, 1994. v.2, p.233-248. (Embrapa-CNPQ. Documentos, 27).
- RESENDE, M.D.V. de; OLIVEIRA, E.B.; HIGA, A.R. Utilização de índices de seleção no melhoramento do *Eucalyptus*. *Boletim de Pesquisa Florestal*, Colombo, n.21, p.1-13, 1990.
- RESENDE, M.D.V. de; VENCOSKY, R.; FERNANDES, J.S.C. Selection and genetic gains in populations of *Eucalyptus* with mixed mating system. In: POTTS, B.M.; BORRALHO, N.M.G.; REID, J.B.; CROMER, R.N.; TIBBITS, W.N.; RAYMOND, C.A. (Eds.). *Eucalypt Plantations: improving fibre yield and quality*. Sandy Bay: CRCTHF, 1995. p.191-193. Proceedings papers from the CRCTHF/IUFRO Conference realized during 1995, in Hobart, Australia.
- VAN VLECK, L.D.; POLLACK, E.J.; BRANFORD, E.A. *Genetics for the animal sciences*. New York: W.H. Freeman, 1987. 391p.
- VENCOSKY, R. Effective size of monoecious populations submitted to artificial selection. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.1, n.3, p.181-191, 1978.
- WHITE, T.L.; HODGE, G.R. *Predicting breeding values with applications in forest tree improvement*. London: Kluwer, 1989. 367p.