



Ministério da Agricultura do Abastecimento e da Reforma Agrária
Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA
Centro Nacional de Pesquisa de Florestas - CNPFlorestas

Seleção Genética Computadorizada - Selegen -

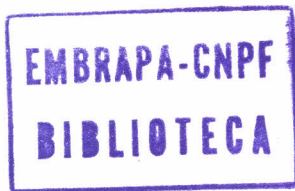
**MÓDULO 1
*BEST PREDICTION***

**MANUAL DO USUÁRIO
Versão 1.0**

Colombo, PR
1994



Ministério da Agricultura do Abastecimento e da Reforma Agrária
Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA
Centro Nacional de Pesquisa de Florestas - CNPFlorestas



**SELEÇÃO GENÉTICA COMPUTADORIZADA - SELEGEN
MÓDULO 1 - * BEST PREDICTION ***

MANUAL DO USUÁRIO

Versão 1.0

Colombo, PR
1994

República Federativa do Brasil

Presidente: Itamar Franco

Ministério da Agricultura, do Abastecimento e da Reforma Agrária

Ministro: Synval Sebastião Duarte Guazzelli

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária-EMBRAPA

Presidente: Murilo Xavier Flores

Diretores:

José Roberto Rodrigues Peres

Alberto Duque Portugal

Elza Angela Battaggia Brito da Cunha

Centro Nacional de Pesquisa de Florestas-CNPFlorestas

Chefe: Vitor Afonso Hoeflich

Chefe Adjunto Técnico: Yeda Maria M. de Oliveira

Chefe Adjunto de Apoio: Sergio Gaiad



Ministério da Agricultura do Abastecimento e da Reforma Agrária
Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA
Centro Nacional de Pesquisa de Florestas - CNPFlorestas

SELEÇÃO GENÉTICA COMPUTADORIZADA - SELEGEN MÓDULO 1 - * BEST PREDICTION *

MANUAL DO USUÁRIO

Versão 1.0

Marcos Deon Vilela de Resende
Edilson Batista de Oliveira
Luiz Candido Melinski
Fernando Silvera Goulart Junior
Gerson Rino Prantl Oaida

Colombo, PR
1994

Exemplares desta publicação podem ser solicitados à:
EMBRAPA - CNPFlorestas
Estrada da Ribeira, km 111
Caixa postal, 319
83411-000 - Colombo - PR - Brasil
Telefone: (041) 359-1313
Telex: (41) 30120
Fax: (041) 359-2276

Tiragem: 200 exemplares

Resende, M.D.V.de.

Seleção genética computadorizada - SELEGEN módulo 1 - best prediction; manual do usuário versão 1.0., por Marcos Deon Vilela de Resende, Edilson Batista de Oliveira, Luis Candido Melinski, Fernando Silvera Goulart Junior, Gerson Rino Prantl Oaida. Colombo: EMBRAPA-CNPFlorestas, 1994.

32p.

1. SELEGEN-manual. 2. Software-genética. I. Oliveira, E.B.de. II. Melinski, L.C. III. Goulart Junior, F.S. IV. Oaida, G.R.P. V. Título.

CDD 001.6425

© EMBRAPA 1994

COMITÊ DE PUBLICAÇÕES DO CNPFlorestas

1993/1995

Vitor Afonso Hoeflich - **Presidente**

Yeda Maria M. de Oliveira - **Substituto**

Titulares

Carlos Alberto Ferreira

Jarbas Yukio Shimizu

Antonio Aparecido Carpanezzi

Rivail Salvador Lourenço

Moacir José Sales Medrado

Guilherme de Castro Andrade

Antonio Maciel Botelho Machado

Lidia Woronkoff

Suplentes

José Elidney Pinto Junior

Sergio Ahrens

Edson Tadeu Iede

Emilio Rotta

Sergio Gaiad

Gustavo Ribas Curcio

-

Carmen Lúcia Cassilha Stival

Guiomar M. de S. Braguinha - **Sec. Exec.**

José Nogueira Junior - **Rev. Gramat.**

PRODUÇÃO

Setor de Difusão de Tecnologia - SDT

TRATAMENTO EDITORIAL E REVISÃO DE TEXTO

Guiomar Moreira de Souza Braguinha

COMPOSIÇÃO E DIAGRAMAÇÃO

Guiomar Moreira de Souza Braguinha

Claudia de F. da Costa

IMPRESSÃO

Gráfica Capital

SUMÁRIO

	Página
1. APRESENTAÇÃO	07
2. OBJETIVOS GERAIS	07
3. OBJETIVO ESPECÍFICO	08
4. PROCEDIMENTOS DE GENÉTICA ESTATÍSTICA	08
5. INSTALAÇÃO E ESPECIFICAÇÕES	09
5.1. Configuração Mínima	09
5.2. Configuração Recomendada	09
5.3. Procedimentos para Instalação do Sistema	09
5.4. Arquivo de dados	10
6. EXECUÇÃO DO SISTEMA	10
6.1. Navegação no Sistema	10
6.2. Manutenção / Conversão	11
6.3. Entrada de Dados/Informações Biológicas	13
6.4. Análises	14
6.5. Resultados	17
7. SAÍDA DO SISTEMA	24
8. MENU GLOBAL DO PROGRAMA E RESULTADOS GERADOS	24
9. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	29

SELEÇÃO GENÉTICA COMPUTADORIZADA - SELEGEN " BEST PREDICTION "



Marcos Deon Vilela de Resende
Edilson Batista de Oliveira
Luiz Candido Melinski
Fernando Silvera Goulart Junior
Gerson Rino Prantl Oaida

1. APRESENTAÇÃO

O Sistema SELEGEN - Seleção Genética Computadorizada é um software destinado à seleção de indivíduos (plantas ou animais) superiores com base em seus respectivos valores genéticos (breeding values). Desenvolvido para ambiente IBM PC/DOS, este programa é fundamentado em algoritmos que maximizam a eficiência do processo seletivo, em função das diferentes situações experimentais. É portanto, ferramenta de grande utilidade aos programas práticos de melhoramento genético.

O presente módulo é denominado "Best Prediction" para denotar que os métodos empregados são indicados para situações em que não existem grandes desbalanceamentos de dados, ou seja, para situações em que todos os indivíduos candidatos à seleção apresentam aproximadamente a mesma quantidade (número) e qualidade (precisão) de informações. O termo "Best Prediction", conforme relatado por HENDERSON (1977), implica no uso de um mesmo grupo de pesos (ponderadores das diferentes informações fenotípicas), generalizadamente para todos os candidatos à seleção.

2. OBJETIVOS GERAIS

O programa SELEGEN foi desenvolvido especialmente para o melhoramento genético de espécies perenes, nas quais a entidade genética "indivíduo" é preponderante em relação às outras entidades genéticas formadas por grupos de indivíduos (família, por exemplo). Assim, foram consideradas peculiaridades associadas à avaliação e seleção de indivíduos superiores, tais quais: 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 estágios 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

* Eng.-Agrônomo, Mestre, CREA nº 50602/D e 1211/D, respectivamente, Pesquisador da EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas.

** Analista de Sistemas, B.Sc., EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas.

populações de produção de propágulos melhorados e de melhoramento, dentre outras.

Dessa forma, o SELEGEN é indicado especialmente para o melhoramento de espécies perenes e semi-perenes como: espécies florestais, espécies animais avaliadas em delineamentos com repetições, espécies frutíferas e espécies forrageiras, dentre outras. Entretanto, pode ser também utilizado eficientemente para o melhoramento de plantas anuais, pois apresenta 42 diferentes métodos de seleção, que podem ser aplicados opcionalmente para uma mesma estrutura experimental.

Dentre os diferentes métodos, 28 são multivariados e 14 univariados, fato que propicia um uso eficiente de todas as informações (dados) disponíveis, de acordo com os diferentes objetivos do melhoramento genético. O software pode ser aplicado em espécies alógamas, autógamias, (monóicas e dióicas) e com sistema reprodutivo misto (desde que se conheça a taxa de autofecundação).

3. OBJETIVO ESPECÍFICO

O desenvolvimento do programa objetivou colocar à disposição dos melhoristas florestais ferramentas precisas de seleção genética visando a maximização da eficiência dos programas de melhoramento genético. Assim, adotou-se linguagem científica comumente empregada por melhoristas florestais, visando maior facilidade de uso por parte deste público alvo.

4. PROCEDIMENTOS DE GENÉTICA ESTATÍSTICA

Os procedimentos de genética quantitativa empregados no programa foram abordados com detalhes em várias publicações. A seguir são relacionados, por temas, alguns trabalhos (com espécies florestais) realizados no Brasil que abordam metodologias e conceitos empregados no programa: seleção individual e seleção entre e dentro de progênies (KAGEYAMA & VENCOSKY, 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 (RESENDE & HIGA, 1992; BUENO FILHO, 1992), índice de seleção univariado multi-efeitos (RESENDE & HIGA, 1993); índice de seleção incluindo avaliações repetidas no tempo e índice de seleção multivariado, combinando informações de parentes (RESENDE et al, 1993a); predição de valores genéticos com dados desbalanceados (RESENDE et al, 1993b); seleção em populações com sistema reprodutivo misto (RESENDE et al, 1994); seleção em espécies florestais autógamias (RESENDE & MEDRADO, 1994); acurácia na seleção (RESENDE , 1994); quantificação do tamanho efetivo populacional e restrição à endogamia (RESENDE & BERTOLUCCI, 1994).

Para maior aprofundamento teórico no tema geral relacionado à predição de valores genéticos e seleção, recomenda-se HENDERSON

(1963, 1977; 1984) VAN VLECK et al (1987); WHITE & HODGE (1989); MINVIELLE (1990). Em relação ao tema tamanho efetivo populacional, recomenda-se CROW & KIMURA (1970) e VENCOVSKY (1978).

5. INSTALAÇÃO E ESPECIFICAÇÕES

5.1. Configuração Mínima

- Microcomputador IBM PC/XT ou Compatível
- 640 k de memória RAM
- 1 unidade de disco flexível
- 1 unidade de disco rígido com, no mínimo, 20 Mbytes de espaço disponível.
- MS-DOS Versão 3.3 ou superior

5.2. Configuração Recomendada

- Microcomputador IBM PC/AT 386 DX ou Compatível
- 4 Mbytes de memória RAM
- 1 unidade de disco flexível
- 1 unidade de disco rígido de, no mínimo, 50 Mbytes de espaço disponível.
- MS-DOS Versão 6.0 ou superior

5.3. Procedimentos para Instalação do Sistema

- Ligue o microcomputador e aguarde o c:\>
- Coloque o disquete de instalação no drive A ou B
- Digite A ou B: e tecle <ENTER>
- Digite INSTALA e tecle <ENTER>
- Aguarde o término da instalação
- Retire o disquete e guarde em local limpo e fresco
- Aparecerá o diretório C:\SELEGEN
- Digite SELEGEN para executar o programa

O procedimento de instalação do Sistema SELEGEN será efetuado somente uma vez, exceto se houver necessidade de reinstalar; caso contrário, o mesmo estará pronto para ser utilizado.

5.4. Arquivo de Dados

O arquivo de dados utilizado pelo SELEGEN usa o formato DBF. Este padrão pode ser gerado por programas como: dBase, Fox, Clipper (DBU), entre outros. Algumas considerações se fazem necessárias quanto à utilização destes arquivos no Sistema SELEGEN, a saber:

- Nome dos três primeiros campos obrigatoriamente com o nome de: BLOCO, PROGÊNIE e ÁRVORE, tipo numérico com 4 posições, sem decimais.
- Os próximos campos (variáveis utilizadas) podem conter qualquer nome válido, tipo numérico com 16 posições, com 8 decimais.
- Não existe limitação para quantidade de variáveis utilizadas.
- Não existe limitação para quantidade de registros utilizados.

6. EXECUÇÃO DO SISTEMA

Para entrar no Sistema SELEGEN, digite:

- CD SELEGEN e tecle <ENTER>
- SELEGEN <ENTER>

Com este procedimento, o sistema está pronto para execução.

Se houver necessidade de nova execução, repetir o procedimento mencionado anteriormente.

Ao entrar no Sistema SELEGEN, aparecerá uma tela de abertura com informações sobre as instituições envolvidas no desenvolvimento do software. Para prosseguir, deve-se pressionar qualquer tecla.

6.1. Navegação no Sistema

O programa apresenta uma série de menus e sub-menus, com várias janelas de opções.

A seleção da opção desejada no menu pode ser feita através das teclas de movimentação do cursor (seta para cima / seta para baixo). Após selecionar a opção desejada, tecle <ENTER> ou seta para baixo ou <PgUp> ou <PgDn> para exibir as novas opções disponíveis nos sub-menus. Um procedimento alternativo para movimentação do cursor e escolha da opção desejada é a digitação dos números que precedem as opções.

Estando posicionado em qualquer dos menus ou sub-menus, a utilização da tecla <ESC> retorna ao menu anterior. Assim, teclando-se <ESC> sucessivamente, volta-se aos menus iniciais até a saída do sistema.

A tecla <F5> disponibiliza uma calculadora contendo operações matemáticas básicas, a qual pode ser utilizada em qualquer ponto ou tela do Sistema SELEGEN.

O Sistema SELEGEN, apresenta o menu inicial conforme exemplo mostrado a seguir (Figura 1).

EMBRAPA/CNPFlorestas - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas	08/06/94
Seleção Genética Computadorizada-SELEGEN* Best Prediction (BP) *	SELEGEN
EMBRAPA/CNPF	

1. Manutenção/Conversão
2. Entrada de Dados/Informações Biológicas
3. Análises
4. Resultados
5. Fim dos Serviços

ESC - RETORNA

FIGURA 1- Tela Referente ao Menu Principal do Sistema SELEGEN.

A apresentação detalhada de cada opção e seus respectivos sub-menus é realizada nos tópicos seguintes.

Neste ponto é importante relatar que: o processamento da opção 3 - Análises, depende de processamento prévio da opção 2 - Entrada de Dados/Informações Biológicas; o processamento da opção 4 - Resultados, depende de processamento prévio da opção 3 - Análises. Assim, para acessar os "Resultados", deve-se, após a realização das "Análises", teclar <ESC> até o aparecimento do menu original, o qual contém a opção (Resultados) desejada.

6.2. Manutenção/Conversão

Escolhendo a opção 1 - MANUTENÇÃO/CONVERSÃO, aparecerá a tela descrita na Figura 2.

MANUTENÇÃO / CONVERSÃO

- 1 - Correção de Arquivos (sobrevivência)
- 2 - Criação de Variáveis
- 3 - Eliminação de Arquivos Gerados
- 4 - Conversor de Arquivos
- 5 - Configuração do Sistema
- 6 - Sistema Operacional
- 7 - Retorna

ESC - RETORNA

FIGURA 2 - Tela Referente à Opção Manutenção / Conversão

Neste menu, a opção 1 - Correção de Arquivos (sobrevivência) consta de um procedimento que corrige todas as variáveis em função da sobrevivência de cada parcela e também gera a variável sobrevivência.

Neste caso, um novo arquivo, a nível de médias de parcelas, é criado. Este arquivo apresentará o nome do arquivo original, porém com extensão .COR. Para utilizá-lo, deve-se renomeá-lo, empregando-se a extensão .DBF. Na entrada de dados, considerar que trata-se de uma planta por parcela (uma média) e que o arquivo possuirá uma variável a mais .

A opção 2 - Criação de Variáveis possibilita a criação das variáveis volume cilíndrico (função de altura e diâmetro ou circunferência) e peso da madeira (função de altura, diâmetro ou circunferência e densidade da madeira). Essas variáveis são criadas a nível de indivíduos. Este procedimento apenas acrescenta ao arquivo original, a variável criada. Assim, o nome original do arquivo é mantido

A opção 3 - Eliminação de Arquivos Gerados é destinada à eliminação de arquivos de resultados, gerados durante a execução do programa.

A opção 4 - Conversor de Arquivos destina-se à conversão de arquivos em formato TXT (criado em qualquer editor de texto) e formato PAGIS, para o formato DBF, o qual é utilizado pelo SELEGEN.

A opção 5 - Configuração do Sistema: Disponibiliza opções de configuração do Sistema SELEGEN como rotas, cores, tempo de mensagens.

A opção 6 - Sistema Operacional permite acesso rápido ao Sistema Operacional DOS sem sair do SELEGEN. Para retornar ao SELEGEN, digitar EXIT e pressionar a tecla <ENTER>.

A opção 7 - Retorna permite voltar ao menu original.

6.3. Entrada de Dados/Informações Biológicas

A opção 2 do Menu inicial conduz a duas telas, conforme as Figuras 3 e 4.

EMBRAPA/CNPFlorestas - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas	08/06/94
Seleção Genética Computadorizada-SELEGEN * Best Prediction (BP) *	SELE1000
EMBRAPA/CNPF	

Experimento :

Arquivo :

Local :

Data de Plantio : / / Data de Avaliação: / /

Número de Blocos : Idades Avaliadas:

Nr. de Progênes : Número de Variáveis..:

Nr. de Plantas por Parcela : Zeros Significativos (S/N)..:

ESC - RETORNA

FIGURA 3 - Tela de Entrada de Dados

Após preenchida adequadamente a tela de Entrada de Dados, aparecerá outra tela com dados sobre Informações Biológicas.

Nesta última tela, a opção pela alternativa 1 implica em um valor zero para a taxa de autofecundação, bastando, então, fornecer o coeficiente de parentesco entre os indivíduos de uma mesma progênie.

EMBRAPA/CNPFlorestas - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas	08/06/94
Seleção Genética Computadorizada-SELEGEN * Best Prediction (BP) *	SELE1000
EMBRAPA/CNPF	

INFORMAÇÕES BIOLÓGICAS

Sistema Reprodutivo

1. Alogamia
2. Misto

Taxa de Autofecundação

Coeficiente de Parentesco

ESC - RETORNA

FIGURA 4. - Tela de Informações Biológicas

6.4. Análises

A opção 3 do menu principal apresenta os seguintes procedimentos alternativos, conforme a Figura 5.

EMBRAPA/CNPFFlorestas - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas	08/06/94
Seleção Genética Computadorizada - SELEGEN	SELE2000
EMBRAPA/CNPF	

MENU DE ANÁLISE / CÁLCULOS

1. Análise de Variância e Médias
2. Parâmetros Genéticos e Fenotípicos (Análise Univariada)
3. Seleção Univariada e Respostas Correlacionadas
4. Análise de Covariância e Correlação
5. Parâmetros Genéticos e Fenotípicos (Análise Multivariada)
6. Seleção Multivariada e Respostas Correlacionadas
7. Otimização da Seleção / Tamanho Efetivo e Endogamia
8. Seleção em Testes Clonais
9. Ordenamento de Valores Genéticos
10. Inspeção de Matrizes Algébricas

FIGURA 5 - Menu Principal de Análises

Algumas considerações sobre este último menu: a opção pelo item 3 automaticamente gera os resultados dos itens 1 e 2; a opção pelo item 6 automaticamente gera os resultados dos itens 1, 2, 4 e 5; a opção pelo item 7 depende de prévio processamento dos itens 3 ou 6.

Escolhendo a opção 3 - Seleção Univariada e Respostas Correlacionadas, aparece um sub-menu com vários procedimentos alternativos de seleção, conforme a Figura 6.

EMBRAPA/CNPFFlorestas - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas	08/06/94
Seleção genética Computadorizada - SELEGEN * Best Prediction *	SELE2300
EMBRAPA/CNPF	

3 - SELEÇÃO UNIVARIADA E RESPOSTAS CORRELACIONADAS

- | | |
|---|--|
| 1. Seleção para Pomar de Sementes por Mudas | 1. A - Individual no Bloco |
| | 1. B - Combinada no Bloco |
| | 1. C - Índice Multi-Efeitos no Bloco |
| 2. Seleção para Pomar de Sementes Clonal | 2. A - Individual no Experimento |
| | 2. B - Combinada no Experimento |
| | 2. C - Índice Multi-Efeitos no Experimento |
| 3 - Seleção de Parentais | |
| 4 - Seleção de Progênies | |
| 5 - Seleção de Irmãos | |
| 6 - Seleção dentro de Progênies | |
| 7 - Seleção para Plantio Monoprogênies e Oligoprogênies | |

ESC - RETORNA

FIGURA 6 - Procedimentos Alternativos para a Seleção Univariada e Respostas Correlacionadas.

Escolhendo a opção 5 - Parâmetros Genéticos e Fenotípicos - Análise Multivariada, surgirá um sub-menu, conforme a Figura 7.

EMBRAPA/CNPFlorestas - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas	08/06/94
Seleção genética Computadorizada - SELEGEN * Best Prediction *	SELE2500
EMBRAPA/CNPF	

5. PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS/ANÁLISE MULTIVARIADA

5.1. - Objetivo da Seleção: Um Caráter

5.2. - Objetivo da Seleção: Agregado Genotípico

ESC - RETORNA	Arquivo Selecionado:
---------------	----------------------

FIGURA 7 - Sub-menu Referente a Parâmetros Genéticos e Fenotípicos - Análise Multivariada

A opção pelo item 6 - Seleção Multivariada e Respostas Correlacionadas, do Menu Principal de Análises, conduz a duas novas opções: 6.1 - Objetivo da Seleção: Um caráter e 6.2 - Objetivo da Seleção: Agregado genotípico. E para cada uma dessas duas opções sub-menus com procedimentos seletivos alternativos, similares aos descritos na Figura 6, aparecerão.

Escolhendo a opção 7 - Otimização da Seleção / Tamanho Efetivo e Endogamia, surgirá o seguinte sub-menu, conforme a Figura 8.

7 - OTIMIZAÇÃO DA SELEÇÃO / TAMANHO EFETIVO E ENDOGAMIA

- 1 - Melhor Pomar Biclonal
- 2 - Pomar de Sementes Clonal
- 3 - População de Melhoramento
- 4 - Pomar de Sementes Clonal - Restrição de Nmax ind/fam
- 5 - População de Melhoramento - Restrição de N ind/fam
- 6 - Pomar de Sementes por Mudanças - Restrição 1 ind/fam/bloco
- 7 - Pomar de Sementes Testado
- 8 - Seleção Plantio Monoprogênes/Oligoprogênes (desbaste)

ESC - RETORNA

FIGURA 8 - Sub-menu Referente à Otimização da Seleção / Tamanho Efetivo e Endogamia.

Os procedimentos alternativos descritos na figura 8 permitem ao melhorista a maximização do ganho genético com restrição à redução do tamanho efetivo e ao incremento da endogamia.

A opção pelo item 8 da figura 5 conduz ao sub-menu apresentado na Figura 9.

8 - SELEÇÃO EM TESTES CLONAIS

- 1 - Análise de Variância e Médias
- 2 - Parâmetros Genéticos e Fenotípicos
- 3 - Seleção Clonal Univariada
- 4 - Seleção Clonal Multivariada

ESC - RETORNA

FIGURA 9 - Sub-menu Referente à Seleção em Testes Clonais

Durante o uso do programa, perguntas são feitas ao usuário, do tipo: informe o nome do arquivo; informe a variável objetivo da seleção; deseja selecionar quantos indivíduos, dentre outras.

Uma visão global de todos os menus e sub-menus do programa, referente ao tópico “Análises”, é apresentado no item 8 deste manual (Menu Global do Programa e Resultados Gerados).

6.5. Resultados

Os menus e sub-menus referentes aos “Resultados” são idênticos àqueles apresentados para o item “Análises”. Assim, a opção por qualquer alternativa conduz a um relatório de resultados, conforme aqueles apresentados nas Tabelas 1, 2 e 3. Estes relatórios estão disponíveis nas seguintes formas: impressora (tecle F10), tela (visualização direta), arquivo (tecle F2).

O relatório em tela pode ser editado e impresso de acordo com a preferência de usuário, podendo o mesmo acrescentar ou suprimir quaisquer textos ou palavras. Para utilizar adequadamente o editor associado ao relatório, observe as seguintes instruções:

- | | |
|----------------|--|
| • ← ou ^S | Move para a esquerda |
| • → ou ^D | Move para a direita |
| • ↑ ou ^E | Move para cima |
| • ↓ ou ^X | Move para baixo |
| • HOME | Move para o início da linha |
| • END | Move para o fim da linha |
| • PgUp | Move para o início da página |
| • PgDn | Move para o fim da página |
| • ESC | Abandona a edição |
| • ^G | Suprime carácter à direita do cursor |
| • <CR> <ENTER> | Confirma um dado ou a escolha de uma opção |

Observação: O símbolo ^ representa a tecla <CTRL>

No procedimento de gravação, será mantido o nome do arquivo de resultados, conforme explicitado em tela (RES_ TXT).

Uma visão geral de todos os resultados gerados pelo programa é apresentada no item 8 - Menu Global do Programa e Resultados Gerados deste manual.

TABELA 1. Resultados referentes a parâmetros genéticos e fenotípicos - análise univariada.

DAP	
Parâmetros Genéticos e Fenotípicos	
Variância	
01 - Dentro de parcelas	5.867210
02 - Ambiental entre parcelas	0.518683
03 - Entre progênes	0.272197
04 - Entre blocos	0.321215
05 - Genética aditiva	1.088788
06 - Fenotípica entre médias de progênes	0.552983
07 - Fenotípica	6.979306
Herdabilidade dos efeitos	
08 - De indivíduo na parcela	0.139179
09 - De progênes	0.541146
10 - De parcela	0.096329
11 - De blocos	0.013210
12 - De indivíduo no bloco	0.163529
13 - De indivíduo no experimento	0.156002
14 - De indivíduo dentro de progênes	0.123893
Coeficientes de correlação intraclasse (Sem ajuste para efeito de bloco)	
15 - Entre indiv. de uma mesma família em diferentes blocos	0.039001
16 - Entre indiv. De uma mesma família no mesmo bloco	0.159342
17 - Entre indiv. De diferentes famílias no mesmo bloco	0.046024
Coeficientes de correlação intraclasse (Com ajuste para efeito de bloco)	
18 - Entre indiv de uma mesma família em diferentes blocos	0.040882
19 - Entre indiv. De uma mesma família no mesmo bloco	0.118785

Acurácias associadas às unidades de seleção univariadas	
(Pomar de sementes por mudas)	
20 - Individual no bloco	0.404387
21 - Combinada no bloco	0.477349
22 - Índice multi-efeitos no bloco	0.489351
Acurácias associadas às unidades de seleção univariadas	
(Pomar de sementes clonal, população de melhoramento)	
23 - Individual no experimento	0.394971
24 - Combinada no experimento	0.477349
25 - Índice multi-efeitos no experimento	0.489402
Acurácias associadas às unidades de seleção	
26 - Efeito de indivíduo na parcela	0.289204
27 - Efeito de progênes	0.379767
Seleção de parentais	
(Pomar de sementes testado)	
28 - Herdabilidade	0.984468
29 - Acurácia	0.690882
Seleção de irmãos	
(Recombinação via sementes remanescentes)	
30 - Herdabilidade	0.492234
31 - Acurácia	0.345441

TABELA 2. Resultados da seleção univariada e respostas correlacionadas - método índice multi-efeitos no experimento.

3. SELEÇÃO UNIVARIADA E RESPOSTAS CORRELACIONADAS

3.2. Seleção para Pomar de Sementes Clonal ou População de melhoramento.

3.2.c Seleção índice multi-efeitos no experimento.

Variável selecionada: DAP

Ganho na variável.....: DAP

Número total de Registros.....: 1188

Percentual Selecionado: 2.53%

Número de Indivíduos Selecionados: 30

Ordem	Bloco	Prog.	Árvore	VG	Ganho Acum.	Ganho Acum(%)	Nova Média	Ne
1	5	11	6	1.80203	1.80203	14.13189	14.55354	1.00000
2	4	42	6	1.44719	1.62461	12.74053	14.37612	2.00000
3	5	104	3	1.35985	1.53636	12.04842	14.28787	3.00000
4	2	2	2	1.35303	1.49052	11.68900	14.24204	4.00000
5	2	104	5	1.27557	1.44753	11.35185	14.19904	4.49438
6	2	91	1	1.25747	1.41586	11.10343	14.16737	5.49618
7	4	8	5	1.24997	1.39216	10.91758	14.14367	6.49724
8	3	104	3	1.23498	1.37251	10.76351	14.12402	6.62069
9	6	104	2	1.22799	1.35645	10.63758	14.10796	6.54545
10	4	91	1	1.21585	1.34239	10.52731	14.09390	7.21154
11	4	42	4	1.20363	1.32978	10.42838	14.08129	7.88702
12	4	104	5	1.18992	1.31812	10.33698	14.06963	7.74194
13	2	42	1	1.16131	1.30606	10.24239	14.05757	8.18732
14	4	45	2	1.12430	1.29308	10.14058	14.04459	9.08108
15	2	42	3	1.11678	1.28132	10.04840	14.03284	9.29661
16	3	42	4	1.08983	1.26935	9.95454	14.02087	9.34550
17	2	93	5	1.08230	1.25835	9.86826	14.00986	10.20590
18	5	42	5	1.08169	1.24854	9.79129	14.00005	10.10808
19	4	36	4	1.07068	1.23918	9.71788	13.99069	10.95092
20	2	104	6	1.05427	1.22993	9.64538	13.98144	10.90703
21	3	4	1	1.04233	1.22100	9.57532	13.97251	11.73479
22	2	42	2	1.02770	1.21221	9.50641	13.96372	11.57279
23	1	1	5	1.02637	1.20413	9.44305	13.95564	12.38217
24	3	36	5	1.01700	1.19633	9.38190	13.94785	13.03436
25	1	91	5	1.00056	1.18850	9.32049	13.94002	13.52681
26	1	91	4	0.97969	1.18047	9.25751	13.93198	13.86279
27	1	93	3	0.97937	1.17302	9.19909	13.92454	14.51665
28	2	42	4	0.94002	1.16470	9.13383	13.91621	14.26280
29	3	91	5	0.93493	1.15678	9.07170	13.90829	14.48411
30	5	8	6	0.91661	1.14877	9.00892	13.90029	15.12489

3. - SELEÇÃO UNIVARIADA E RESPOSTAS CORRELACIONADAS.

3.2. - Seleção para pomar de sementes clonal ou população de melhoramento.

3.2.c - Seleção índice multi-efeitos no experimento.

Variável selecionada: DAP

Ganho na variável.....: Altura

Número total de Registros.....: 1188

Percentual Selecionado: 2.53%

Número de Individuos Selecionados.: 30

Ordem	Bloco	Prog	Árvore	VG	Ganho Acum.	Ganho Acum(%)	Nova Média	Ne
52	5	11	6	0.99411	0.99411	5.13376	20.35829	1.00000
1	4	42	6	1.97519	1.48465	7.66700	20.84883	2.00000
109	5	104	3	0.77742	1.24891	6.44957	20.61308	3.00000
45	2	2	2	1.02460	1.19283	6.15997	20.55700	4.00000
14	2	104	5	1.28944	1.21215	6.25975	20.57632	4.49438
30	2	91	1	1.09538	1.19269	6.15925	20.55686	5.49618
8	4	8	5	1.47326	1.23277	6.36624	20.59695	6.49724
10	3	104	3	1.42971	1.25739	6.49337	20.62156	6.62069
20	6	104	2	1.16419	1.24703	6.43989	20.61121	6.54545
81	4	91	1	0.87366	1.20969	6.24708	20.57387	7.21154
6	4	42	4	1.49671	1.23579	6.38182	20.59996	7.88702
95	4	104	5	0.81957	1.20110	6.20270	20.56528	7.74194
2	2	42	1	1.82493	1.24909	6.45051	20.61326	8.18732
56	4	45	2	0.97020	1.22917	6.34764	20.59334	9.08108
26	2	42	3	1.10721	1.22104	6.30565	20.58521	9.29661
15	3	42	4	1.28762	1.22520	6.32714	20.58937	9.34550
63	2	93	5	0.92791	1.20771	6.23683	20.57189	10.20590
23	5	42	5	1.12176	1.20294	6.21217	20.56711	10.10808
208	4	36	4	0.53602	1.16784	6.03091	20.53201	10.95092
18	2	104	6	1.16982	1.16793	6.03142	20.53211	10.90703
142	3	4	1	0.67098	1.14427	5.90921	20.50844	11.73479
12	2	42	2	1.34645	1.15346	5.95667	20.51763	11.57279
51	1	1	5	0.99700	1.14666	5.92154	20.51083	12.38217
383	3	36	5	0.25163	1.10936	5.72895	20.47354	13.03436
73	1	91	5	0.89312	1.10071	5.68428	20.46489	13.52681
72	1	91	4	0.89312	1.09273	5.64305	20.45690	13.86279
49	1	93	3	1.01043	1.08968	5.62731	20.45386	14.51665
13	2	42	4	1.34645	1.09885	5.67466	20.46303	14.26280
100	3	91	5	0.80100	1.08858	5.62162	20.45276	14.48411
29	5	8	6	1.10089	1.08899	5.62374	20.45317	15.12489

TABELA 3. Resultados referentes à otimização da seleção em função do tamanho efetivo e da endogamia.

7. - Otimização da seleção, em função do tamanho efetivo e da endogamia.

7.2. - Pomar de sementes clonal.

3. - Seleção univariada e respostas correlacionadas.

3.2. - Seleção para pomar de sementes clonal.

3.2.c - Seleção índice multi-efeitos no experimento.

Variável selecionada: DAP

Ganho na variável....: DAP

OPÇÃO 01:

- Indivíduos de diferentes progênes.

Ordem	Bloco	Prog.	Árvore	VG	Ganho Acum.	Ganho Acum (%)	Nova Média	Ne	Ganho Ac Corr	Ganho Ac Corr(%)
1	5	11	6	1.80203	1.80203	14.1318	14.55354	1.00000	0.90102	7.06595
2	4	42	6	1.44719	1.62461	12.7405	14.37612	2.00000	1.21846	9.55540
3	5	104	3	1.35985	1.53636	12.0484	14.28787	3.00000	1.28030	10.0403
4	2	2	2	1.35303	1.49052	11.6890	14.24204	4.00000	1.30421	10.2278
5	2	91	1	1.25747	1.44391	11.3234	14.19543	5.00000	1.29952	10.1911
6	4	8	5	1.24997	1.41159	11.0699	14.16310	6.00000	1.29396	10.1474
7	4	45	2	1.12430	1.37055	10.7481	14.12206	7.00000	1.27265	9.98039
8	2	93	5	1.08230	1.33452	10.4655	14.08603	8.00000	1.25111	9.81146
9	4	36	4	1.07068	1.30520	10.2356	14.05671	9.00000	1.23269	9.66701
10	3	4	1	1.04233	1.27891	10.0295	14.03043	10.00000	1.21497	9.52803
11	1	1	5	1.02637	1.25596	9.8494	14.00747	11.00000	1.19887	9.40176
12	2	40	6	0.80535	1.21841	9.5549	13.96992	12.00000	1.16764	9.15686
13	5	41	1	0.72410	1.18038	9.2568	13.93189	13.00000	1.13498	8.90077
4	3	38	2	0.72409	1.14779	9.0012	13.89930	14.00000	1.10680	8.67973
15	2	43	2	0.70312	1.11814	8.7687	13.86966	15.00000	1.08087	8.47643

OPÇÃO 02:

- Ordenamento sem restrição

Ordem	Bloco	Prog.	Árvore	VG	Ganho Acum.	Ganho Acum (%)	Nova Média	Ne	Ganho Ac Corr
1	5	11	6	1.80203	1.80203	14.13189	14.55354	1.00000	0.90102
2	4	42	6	1.44719	1.62461	12.74053	14.37612	2.00000	1.21846
3	5	104	3	1.35985	1.53636	12.04842	14.28787	3.00000	1.28030
4	2	2	2	1.35303	1.49052	11.68900	14.24204	4.00000	1.30421
5	2	104	5	1.27557	1.44753	11.35185	14.19904	4.49438	1.28649
6	2	91	1	1.25747	1.41586	11.10343	14.16737	5.49618	1.28705
7	4	8	5	1.24997	1.39216	10.91758	14.14367	6.49724	1.28502
8	3	104	3	1.23498	1.37251	10.76351	14.12402	6.62069	1.26886
9	6	104	2	1.22799	1.35645	10.63758	14.10796	6.54545	1.25283
10	4	91	1	1.21585	1.34239	10.52731	14.09390	7.21154	1.24932
11	4	42	4	1.20363	1.32978	10.42838	14.08129	7.88702	1.24548
12	4	104	5	1.18992	1.31812	10.33698	14.06963	7.74194	1.23299
13	2	42	1	1.16131	1.30606	10.24239	14.05757	8.18732	1.22630
14	4	45	2	1.12430	1.29308	10.14058	14.04459	9.08108	1.22188
15	2	42	3	1.11678	1.28132	10.04840	14.03284	9.29661	1.21241
16	3	42	4	1.08983	1.26935	9.95454	9.95454	9.34550	1.20144
17	2	93	5	1.08230	1.25835	9.86826	9.86826	10.20590	1.19670
18	5	42	5	1.08169	1.08169	9.79129	9.79129	10.10808	1.18678
19	4	36	4	1.07068	1.23918	9.71788	9.71788	10.95092	1.18260
20	2	104	6	1.05427	1.22993	9.64538	9.64538	10.90703	1.17355
21	3	4	1	1.04233	1.22100	9.57532	9.57532	11.73479	1.16897
22	2	42	2	1.02770	1.21221	9.50641	9.50641	11.57279	1.15984
23	1	1	5	1.02637	1.20413	9.44305	9.44305	12.38217	1.15551
24	3	36	5	1.01700	1.19633	9.38190	9.38190	13.03436	1.15044
25	1	91	5	1.00056	1.18850	9.32049	9.32049	13.52681	1.14457
26	1	91	4	0.97969	1.18047	9.25751	9.25751	13.86279	1.13790
27	1	93	3	0.97937	1.17302	9.19909	9.19909	14.51665	1.13262
28	2	42	4	0.94002	1.16970	9.13383	9.13383	14.26280	1.12387
29	3	91	5	0.93493	1.15678	9.07170	9.07170	14.48411	1.11685
30	5	8	6	0.91661	1.14877	9.00892	9.00892	15.12489	1.11080

SELEÇÃO ÓTIMA

Ordem	Bloco	Prog.	Árvore	VG	Ganho Acum.	Ganho Acum(%)	Nova Média	Ne	Ganho Ac Corr	Ganho Ac Corr (%)
1	5	11	6	1.80203	1.80203	14.13189	14.55354	1.00000	0.90102	7.06595
2	4	42	6	1.44719	1.62461	12.74053	14.37612	2.00000	1.21846	9.55540
3	5	104	3	1.35985	1.53636	12.04842	14.28787	3.00000	1.28030	10.04035
4	2	2	2	1.35303	1.49052	11.68900	14.24204	4.00000	1.30421	10.22787

7. SAÍDA DO SISTEMA

Para sair do programa, deve-se retornar ao menu inicial (Figura 1) e teclar <ESC> ou utilizar a opção 5 do referido menu.

8. MENU GLOBAL DO PROGRAMA E RESULTADOS GERADOS

PROCEDIMENTOS BIOMÉTRICOS

1 - Análise de variâncias e médias

Fornece:

- Identificação do experimento
- Análise de variância para todas as variáveis
- Média geral
- Coeficiente de variação experimental
- Probabilidade de erro associado à significância (Teste F)
- Médias de progênies
- Médias de blocos

2 - Parâmetros genéticos e fenotípicos - análise univariada

Fornece para cada variável:

- Componentes da variação fenotípica
- Coeficientes de herdabilidade
- Coeficientes de correlação intraclasses
- Acurácias por diferentes métodos de seleção univariada

3 - Seleção univariada e respostas correlacionadas

- 3.1. - Seleção para pomar de sementes por mudas
 - a - Individual no bloco
 - b - Combinada no bloco
 - c - Índice multi-efeitos no bloco
- 3.2. - Seleção para pomar de sementes clonal ou população de melhoramento
 - a - Individual no experimento
 - b - Combinada no experimento
 - c - 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 Monoprogênies e Oligoprogênies (sem desbaste)
- 3.8. - Seleção entre e dentro de progênies no experimento (PSC)
- 3.9. - Seleção entre e dentro de progênies no bloco (PSM)

Fornece para cada procedimento de seleção univariada:

- Valor genético para cada indivíduo do experimento, para a variável objetivo da seleção
- Valor genético para cada indivíduo, para as 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, para todas as variáveis
- Ordem do “ranking” por seleção direta, para variáveis selecionadas indiretamente

4 - Análise de covariância e correlação

Fornece para cada efeito do modelo matemático:

- Matrizes de produtos médios
- Matrizes de covariância genética
- Matrizes de covariância fenotípica
- Matrizes de correlação genética
- Matrizes de correlação fenotípica

5 - Parâmetros genéticos e fenotípicos - análise multivariada

Fornece:

- 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 para pomar de sementes por mudas
 - a - Individual no bloco
 - b - Combinada no bloco
 - c - Índice multi-efeitos no bloco
 - 6.1.2. - Seleção para pomar de sementes clonal ou população de melhoramento
 - a - Individual no experimento
 - b - Combinada no experimento
 - c - 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 (PSC)
- 6.1.9 - Seleção entre e dentro de progênies no bloco (PSM)

Fornece para cada procedimento de seleção multivariada, objetivando ganho em um só caráter:

- Valor genético para cada indivíduo do experimento, para a variável objetivo da seleção
 - Valor genético para cada indivíduo, para as 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, para todas as variáveis
 - Ordem do “ranking” por seleção direta, para variáveis selecionadas indiretamente
- 6.2. - Objetivo da seleção: (agregado genotípico)
- 6.2.1. - Seleção para pomar de sementes por mudas
 - a - Individual no bloco
 - b - Combinada no bloco
 - c - Índice multi-efeitos no bloco
 - 6.2.2. - Seleção para pomar de sementes clonal ou população de melhoramento
 - a - Individual no experimento
 - b - Combinada no experimento
 - c - 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 para plantio monoprogênies e oligoprogênies (sem desbaste)
- 6.2.8. - Seleção entre e dentro de progênies no experimento (PSC)
- 6.2.9. - Seleção entre e dentro de progênies no bloco (PSM)

Fornece para cada procedimento de seleção multivariada, objetivando ganho no agregado genotípico:

- Valor genético para cada indivíduo do experimento, para o agregado genotípico
- Valor genético para cada indivíduo, para as variáveis individualmente
- Ganho genético no agregado genotípico
- Ganho genético correlacionado em cada variável
- Tamanho efetivo populacional
- Nova média do material genético após a seleção, para todas as variáveis e para o índice de seleção
- Ordem do “ranking” por seleção direta, para 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 $N_{\text{máx}} \text{ ind/fam}$
- 7.5. - População de melhoramento - Restrição de $N_{\text{máx}} \text{ ind/fam}$
- 7.6. - Pomar de sementes por mudas (restrição de 1 ind/fam/bloco)
- 7.7. - Pomar de sementes testado
- 7.8. - Seleção para plantio 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

Fornece:

- Seleção envolvendo vários experimentos em um mesmo local
- Seleção envolvendo diferentes procedências

10 - Inspeção de matrizes algébricas

Fornece:

- 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

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem aos estagiários Arion Bastos, da Área de Informação e Claudia Costa, do Comitê de Publicações, pelo apoio na estruturação deste manual.

9. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BUENO FILHO, J.S.S. *Seleção combinada versus seleção sequencial no melhoramento de populações florestais*. Piracicaba:ESALQ, 1992. 96p. Tese Mestrado.
- CROW, J.F.; KIMURA, M. *An introduction to population genetics theory*. New York: Harper and Row, 1970. 591p.
- HENDERSON, C.R. Selection index and expected genetic advance. In: HANSON, W.D.; ROBISON, H.F. *Statistical genetics and*

plant breeding. Washington: NAS-NRC, 1963. p.141-163. (NAS-NCR.Pub.982).

HENDERSON, C.R. Prediction of future records. In: POLLACK, E; KEMPTHORNE, O.; BAILEY, I. *Proceedings International Conference on Quantitative Genetics*. Ames: Iowa State University Press, 1977. p.615-638.

HENDERSON, C.R. *Applications of linear models in animal breeding*. Ontario: University of Guelph, 1984. 462p.

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' Université Laval, 1990. 21p.

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. 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; HIGA, A.R. Estimacão 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, 1992 (no prelo).

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, 1993 (no prelo).

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, 1993a (no prelo).

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, 1993b. p.144-147.

RESENDE, M.D.V. de; BERTOLUCCI, F.L.G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in Eucalyptus grandis. In: IUFRO CONFERENCE "Eucalypt

- Plantations: Improving Fibre Yield and Quality", 1994, Hobart (no prelo).
- 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 - CNPF, 1994. v.2, p.233-248. (EMBRAPA - CNPF. Documentos, 27).
- RESENDE, M.D.V. de. Seleção precoce no melhoramento florestal. In: WORKSHOP SIF/UFV: Métodos de Seleção, 1994, Belo Horizonte (no prelo).
- RESENDE, M.D.V. de; VENCOVSKY, R.; FERNANDES, J.S.C. Selection and genetic gains in populations of *Eucalyptus* with mixed mating system. In: IUFRO CONFERENCE "Eucalypt Plantations: Improving Fibre Yield and Quality", 1994, Hobart (no prelo).
- VAN VLECK, L.D.; POLLACK, E.J.; BRANFORD, E.A. *Genetics for the animal sciences*. New York: W.H. Freeman, 1987. 391p.
- VENCOVSKY, 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.

SELEGEN

Seleção Genética Computadorizada

Genética Estatística: Marcos Deon Vilela de Resende
Edilson Batista de Oliveira

Informática: Luiz Candido Melinski
Fernando Silvera Goulart Junior
Gerson Rino Prantl Oaida

Maiores Informações:

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA
CENTRO NACIONAL DE PESQUISA DE FLORESTAS - CNPFlorestas
Estrada da Ribeira km 111
Caixa Postal: 319 - CEP 83.411-000 - Colombo - PR
Telefone: (041) 359-1313 Telex: (41) 30120 Fax: (041) 359-2276