

PREDIÇÃO DO GANHO GENÉTICO DE ALGUNS CARACTERES EM SERINGUEIRA EM TRÊS ESQUEMAS DE SELEÇÃO¹

JOÃO RODRIGUES DE PAIVA², JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO³
EDMAR RAMOS DE SIQUEIRA⁴ e AFONSO CELSO CANDEIRA VALDIS⁵

RESUMO - O presente trabalho teve por objetivo estimar o ganho genético esperado com seleção em alguns caracteres de seringueira (*Hevea* spp.), em três diferentes esquemas de seleção adaptados a este gênero vegetal, assim enumerados: I. seleção entre famílias de meios-irmãos; II. seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos; e III. seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos com propagação vegetativa das melhores plantas dentro das melhores famílias. O material utilizado compreende progênies de meios-irmãos obtidas de sementes colhidas separadamente de 64 seringueiras nativas de várzea e terra firme, previamente selecionadas no município de Manicoré, AM. Essas progênies foram avaliadas usando-se o delineamento em látice simples 8 x 8. Entre os caracteres estudados, o maior progresso esperado com seleção que utilizou o esquema I foi para o caráter produção de borracha seca (36,33%). No esquema II, o ganho esperado para este caráter foi superior em mais de 5% em relação ao anterior. Entre os três esquemas de seleção estudados, constatou-se a viabilidade e a melhor eficiência do esquema II. No entanto, espera-se maior progresso utilizando-se o esquema III. O maior progresso desse esquema em relação ao II é devido à exploração adicional da variância genética dominante; porém, seu uso é limitado a um ciclo de seleção.

Termos para indexação: *Hevea* sp., melhoramento genético, progresso esperado.

PREDICTION OF GENETIC GAIN FOR SOME RUBBER TREE CHARACTERS UTILIZING THREE DIFFERENT SCHEMES OF SELECTIONS

ABSTRACT - The objective of the present paper was to estimate the expected genetic gain with selection for some rubber tree (*Hevea* spp.) characters in three different schemes of selection adopted for this genus, as follows: I. Selection among half-sib families; II. Selection among and within half-sib families; III. Selection among and within half-sib families by utilizing the best ortets within the best families as clones (asexual multiplication). Half-sib progenies from 64 mother trees previously selected in native jungle from "varzea" (seasonal flooded areas) and "terra firme" (unflooded areas) collected near Manicoré city, Amazon State, were the materials utilized. A 8 x 8 simple lattice design was used for the progeny evaluation. Among the characters studied the best expected genetic gain for selection scheme I was rubber yield (36.33%). The expected genetic gain with scheme II for the same character was 5% higher than in the former. It was observed that among the three schemes studied the most viable and efficient was scheme II. However, a large progress can be expected using scheme III, but a limitation of this scheme is that its use is limited to only one cycle of selection. The large progress of this scheme, when compared to scheme II, is due to the additional dominant genetic variance.

Index terms: *Hevea* sp., plant breeding, progress expected.

INTRODUÇÃO

O sucesso de um esquema seletivo depende da variação genética disponível na população e, sobretudo, do valor relativo desta, frente à variação não genética. Em qualquer ensaio, conforme Vencovsky (1978), existem os seguintes componentes: variação devida a diferenças ambientais dentro de parcela (σ_{ew}^2); variação devida a diferenças genéticas entre plantas dentro de parcelas (σ_{gw}^2); variação devida a diferenças entre parcelas (σ_e^2); e variação devida a diferenças genéticas entre os tratamentos (σ_p^2). De todas essas componentes, σ_p^2 e σ_{gw}^2 são as únicas favoráveis aos melhoristas, isto é, deve-se procurar minimizar as demais compo-

¹ Aceito para publicação em 13 de setembro de 1982. Parte da Dissertação de Mestrado do primeiro autor, apresentada à Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ), para obtenção do Grau de Mestre. Trabalho realizado com recursos financeiros do Convênio SUDHEVEA/EMBRAPA.

² Eng.^o Agr.^o, M.Sc., Centro Nacional de Pesquisa de Seringueira e Dendê (CNPDS) - EMBRAPA, Caixa Postal 319, CEP 69000 - Manaus, AM.

³ Ph.D., Prof. Livre-Docente, da ESALQ/USP, Caixa Postal 83, CEP 13400 - Piracicaba, SP.

⁴ Eng.^o Agr.^o, M.Sc., Unidade de Execução de Pesquisa de Âmbito Estadual (UEPAE) - EMBRAPA, Caixa Postal 44, CEP 49000 - Aracaju, SE.

⁵ Eng.^o Agr.^o, M.Sc., Dr., EMBRAPA - Brasília, DF.

nentes a fim de maximizar a eficiência da seleção (Miranda Filho 1978).

Embora a seringueira seja uma cultura perene, a ela também se aplicam os princípios básicos das técnicas utilizadas no melhoramento de culturas anuais. Tem ainda a vantagem de ser propagada vegetativamente em cultivos comerciais, onde a fixação de genótipos superiores é simples.

Segundo Subramanian (1981), o método geral utilizado no melhoramento da seringueira envolve as seguintes etapas: escolha dos paternos, cruzamento, seleção de plântulas superiores, seleção de clones superiores e teste de clones em diferentes condições edafoclimáticas.

A escolha de paternos está-se tornando mais complexa, devido às múltiplas características envolvidas na seleção, pois há interesse na obtenção de plantas não só de alta produção, mas também de boas características secundárias.

O programa de melhoramento genético da seringueira no Brasil foi iniciado com seleções em viveiros originados de sementes de seringueiras nativas de diversos pontos da região amazônica, objetivando a obtenção de plantas com bom potencial produtivo e resistentes às doenças. Posteriormente, deu-se ênfase aos cruzamentos intra e interespecíficos (Brasil 1971). Esses processos, no entanto, apesar de contribuírem para o incremento de alguns caracteres, não foram delineados com base genético-científica, de modo a permitir a predição do ganho genético, obtido em cada ciclo de seleção. Apenas, recentemente, trabalhos básicos sobre a cultura da seringueira na área de genética (Valois & Paiva 1976, Valois et al. 1978, Siqueira 1978) têm permitido o planejamento de métodos de melhoramento e predição do ganho genético esperado com seleção.

O objetivo deste trabalho foi o de estimar o ganho genético esperado com seleção de dezesseis caracteres de seringueira, em três diferentes esquemas de seleção adaptados à sua cultura.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas progênies de meios-irmãos, obtidas de sementes colhidas separadamente de 64 seringueiras nativas, previamente selecionadas em condições de várzea e terra firme, no município de Manicoré, AM.

O experimento foi instalado em março de 1976, no

Campo Experimental do Centro Nacional de Pesquisa da Seringueira, atualmente, Centro Nacional de Pesquisa de Seringueira e Dendê, da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA, situado no km 28/29 da rodovia AM-010 (Manaus-Itacoatiara), em Manaus, AM.

Utilizou-se o delineamento em látice simples 8 x 8. O plantio das sementes foi feito diretamente no local do ensaio, sendo utilizado o espaçamento de 1 m entre linhas e 0,50 m entre covas, perfazendo parcelas de 10 m, com 22 plantas por parcela.

A coleta dos dados foi iniciada em julho de 1977, dezesseis meses após a instalação do ensaio. Utilizando-se dez plantas competitivas por parcela, foram anotados os seguintes dados por planta: 1. altura da planta (cm); 2. diâmetro do caule (cm) a 5, 10, 15, 20, 25 e 30 centímetros de altura a partir do solo; 3. espessura de casca (mm) a 5, 10, 15, 20, 25 e 30 centímetros de altura a partir do solo; 4. número de lançamentos; 5. comprimento de lançamento (cm); e 6. produção de borracha seca (mg), mediante a aplicação do miniteste de produção, de acordo com a metodologia apresentada por Mendes (1971).

As análises de variância para todos os caracteres foram realizadas com médias de parcelas, obedecendo ao delineamento em látice com observação dentro de parcelas (Cochran & Cox 1957, Steel & Torrie 1960). Os quadrados médios dentro de progênies foram obtidos independentemente, através das médias das estimativas das variâncias individuais dentro de parcelas, ponderadas pelos graus de liberdade.

Segundo a metodologia apresentada por Vencovsky (1969), as estimativas da variância genética entre progênies (σ_p^2), da variância do erro ambiental entre parcelas (σ_e^2) e da variância fenotípica dentro de progênies (σ_d^2) foram obtidas ao nível de planta, para cada caráter, separadamente, a partir dos quadrados médios, conforme representação abaixo:

$$\bar{\sigma}_d^2 = Q_3; \bar{\sigma}_e^2 = (Q_2 - Q_3/n); \bar{\sigma}_p^2 = (Q_1 - Q_2)/t$$

Ainda conforme a mesma metodologia, as estimativas da variância genética aditiva (σ_A^2), da variância fenotípica entre plantas (σ_F^2) e da variância fenotípica entre médias de progênies ($\sigma_{F'}^2$) foram obtidas da seguinte maneira:

$$\sigma_A^2 = 4 \cdot \bar{\sigma}_p^2$$

$$\sigma_F^2 = \bar{\sigma}_p^2 + \bar{\sigma}_e^2 + \bar{\sigma}_d^2$$

$$\sigma_{F'}^2 = \bar{\sigma}_p^2 + \bar{\sigma}_e^2/t + \bar{\sigma}_d^2/tn = Q_1/t$$

O método tradicional de melhoramento da seringueira baseia-se preferencialmente na exploração do vigor híbrido entre cruzamentos, seguido da multiplicação vegetativa das melhores plantas. No entanto, os três esquemas de seleção propostos, teoricamente, para estimação dos progressos genéticos esperados são possíveis de uso na prática, obedecendo aos seguintes passos:

I. Seleção entre famílias de meios-irmãos; recombinação das mães selecionadas (seleção para ambos os sexos)

a. Formação das famílias de meios-irmãos, através da

coleta de semente de plantas-mães, que podem ser clones ou plantas nativas.

- b. Avaliação das famílias durante dois anos.
- c. Seleção das melhores famílias.
- d. Identificação das plantas que deram origem às melhores famílias e eliminação das restantes, deixando que elas se recombinem.

Neste esquema, o primeiro ciclo de seleção levaria quatro anos, se, no primeiro ano, os seguintes itens fossem alcançados: obtenção de famílias; avaliação da produção de borraça, feita através do teste HMM-modificado; e recombinação, efetuada nas plantas que derem origem às famílias.

Do segundo ciclo em diante, seriam necessários seis anos para completar cada ciclo, compreendendo também o teste precoce (HMM-modificado), avaliar a produção e a indução da floração precoce, formar novas famílias e proceder à recombinação.

II. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos (seleção para ambos os sexos)

- a. Formação das famílias de meio-irmãos, através de coleta de sementes de plantas-mães, que podem ser clones ou plantas nativas.
- b. Avaliação das famílias, com o controle do desempenho das plantas individuais dentro das famílias, por dois anos.
- c. Seleção das melhores famílias e das melhores plantas dentro das famílias.
- d. Eliminação das plantas inferiores, recombinando somente as superiores.

Este esquema assemelha-se ao anterior, no que se refere ao tempo de duração de cada ciclo de seleção, com a diferença de que a recombinação será feita entre plantas selecionadas após indução da floração precoce e, não, entre plantas-mães selecionadas.

III. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, com propagação vegetativa das melhores plantas dentro das melhores famílias

- a. Formação das famílias de meios-irmãos, através da coleta de sementes de plantas-mães, que podem ser clones ou plantas nativas.
- b. Avaliação das famílias, com o controle do desempenho das plantas individuais dentro das famílias.
- c. Seleção das melhores famílias e das melhores plantas dentro das famílias.
- d. Propagação vegetativa das plantas selecionadas.

A duração do ciclo de seleção neste esquema pode variar em função do tempo dedicado à avaliação do potencial produtivo do material. Este esquema é restrito a um só ciclo de seleção.

Para o cálculo dos ganhos esperados com seleção, adotou-se o procedimento relatado por Vencovsky (1969 e 1978). As deduções das expressões utilizadas na determinação dos ganhos esperados foram feitas da seguinte maneira:

a. Progresso esperado com seleção entre famílias:

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_1) = \text{Cov}(Y, (\bar{X}_{j..} - \bar{X} \dots)) = \text{Cov}(Y, \bar{X}_{j..}) - \text{Cov}(Y, \bar{X} \dots),$$

sendo que \bar{X}_1 representa o desvio da média de cada progênie ($\bar{X}_{j..}$) em relação à média de todas as progênies ($\bar{X} \dots$), ou seja, $\bar{X}_1 = \bar{X} \dots$.

No esquema I, Y é filho de uma das mães selecionadas que deu origem a uma das famílias de meios-irmãos. A progênie "j" é constituída de meios-irmãos num total de "nr" indivíduos. Portanto, todos os indivíduos da progênie "j" são meios-irmãos de Y. Os indivíduos das demais progênies não têm relação de parentesco com Y; neste caso, tem-se:

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j..}) = \text{Cov}(MI) = (1/4) \sigma_A^2, \text{ para um sexo}$$

$$\text{Cov}(Y, \bar{X} \dots) = \frac{1}{\text{snr}} \left\{ \text{Cov}(Y, \bar{X} \dots) \right\} = \frac{1}{\text{snr}} \left\{ (rs - 1) \text{Cov}(MI) \right\}$$

$$\text{Cov}(Y, \bar{X} \dots) = 0, \text{ para "snr" suficientemente alto, onde}$$

Cov(MI): covariância entre meio-irmãos.

Portanto, o progresso esperado com seleção, em ambos os sexos, para o esquema I, é de

$$Gs(I) = i_1 \cdot \frac{(1/2) \cdot \sigma_A^2}{\sigma_F^2}$$

sendo

i_1 : função da percentagem de famílias selecionadas;

σ_F^2 : desvio fenotípico médio.

No esquema II, Y é um descendente de um indivíduo (mãe), cujo valor fenotípico está contido em $\bar{X}_{j..}$. A progênie "j" é constituída de meias-irmãos num total de "nr" indivíduos; um desses indivíduos é mãe de Y, os demais são meias-tias. Os indivíduos das demais progênies não têm relação de parentesco com Y. Desse modo, o progresso esperado com seleção entre famílias, é de

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j..}) = \frac{1}{\text{nr}} \left\{ \text{Cov}(Y, \bar{X}_{j..}) \right\} = \frac{1}{\text{nr}} \left\{ \text{Cov}(MF) + (nr - 1) \text{Cov}(MTS) \right\}$$

sendo

Cov(MF): covariância entre mãe e filho;

Cov(MTS): covariância do tipo meio-tio-sobrinho;

então

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j..}) = \frac{1}{\text{nr}} \left\{ (1/2) \sigma_A^2 + (nr - 1) (1/8) \sigma_A^2 \right\}$$

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j..}) = (1/8) \sigma_A^2, \text{ para valores altos de "nr", em um sexo.}$$

b. Progresso esperado com seleção dentro de famílias:

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_2) = \text{Cov}\left\{Y, (X_{j2m} - \bar{X}_{j2.})\right\} = \text{Cov}(Y, X_{j2m}) - \text{Cov}(Y, \bar{X}_{j2.}),$$

sendo X_2 o desvio entre a observação de um indivíduo (X_{j2m}) e a média da progênie em um só bloco ($\bar{X}_{j2.}$), ou seja, $X_2 = X_{j2m} - \bar{X}_{j2.}$. No esquema II, Y é filho do indivíduo "j2m". Portanto

$$\text{Cov}(Y, X_{j2m}) = \text{Cov}(MF) = (1/2) \sigma_A^2,$$

$$\begin{aligned} \text{Cov}(Y, \bar{X}_{j2.}) &= \frac{1}{n} \left\{ \text{Cov}(MF) + (n-1) \text{Cov}(MTS) \right\} = \\ &= \frac{1}{n} \left\{ (1/2) \sigma_A^2 + (n-1) (1/8) \sigma_A^2 \right\} \end{aligned}$$

$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j2.}) = (1/8) \sigma_A^2$, para "n" suficientemente grande, em um só sexo.

Desta forma

$$\text{Cov}(Y, X_2) = (1/2) \sigma_A^2 - (1/8) \sigma_A^2 = (3/8) \sigma_A^2, \text{ para um sexo.}$$

Finalmente, a expressão do progresso esperado, com seleção para ambos os sexos, para o esquema II é de

$$Gs_{(II)} = i_1 \frac{(1/4) \sigma_A^2}{\sigma_F} + i_2 \frac{(3/4) \sigma_A^2}{\sigma_d},$$

sendo

i_1 e i_2 : função da percentagem de famílias selecionadas e plantas selecionadas dentro de famílias, respectivamente. σ_d : desvio fenotípico dentro de progênies.

No progresso esperado com seleção entre famílias, para o esquema III de seleção, Y é um descendente, propagado vegetativamente, de um indivíduo (mãe) cujo fenotípico está contido em \bar{X}_1 . A progênie "j" é constituída de meias-irmãs, num total de "nr" indivíduos; um desses indivíduos é genotipicamente idêntico a Y; portanto, os demais são equivalentes a meios-irmãos. Os indivíduos das demais progênies não têm relação de parentesco com Y. Assim, tem-se

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j2.}) = \frac{1}{nr} \left\{ \text{Cov}(Y, X_{j2m}) + (nr-1) \text{Cov}(MI) \right\}$$

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j2.}) = (1/4) \sigma_A^2, \text{ para valores altos de "nr".}$$

No progresso esperado com seleção dentro de famílias, para o esquema III, tem-se

$$\text{Cov}(Y, X_{j2m}) = \sigma_D^2, \text{ para } Y = X_{j2m}$$

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j2.}) = \frac{1}{n} \left\{ \text{Cov}(Y, X_{j2m}) + (n-1) \text{Cov}(MI) \right\}$$

$$\text{Cov}(Y, \bar{X}_{j2.}) = (1/4) \sigma_A^2, \text{ para "n" suficientemente alto.}$$

Portanto

$$\text{Cov}(Y, X_2) = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 - (1/4) \sigma_A^2 = (3/4) \sigma_A^2 + \sigma_D^2$$

$$\text{Cov}(y, X_2) = (3/4) \sigma_A^2 + \sigma_D^2$$

Finalmente, a expressão do progresso esperado para o esquema III é de

$$Gs_{(III)} = i_1 \frac{(1/4) \sigma_A^2}{\sigma_F} + i_2 \frac{(3/4) \sigma_A^2 + \sigma_D^2}{\sigma_d}$$

ou

$$Gs_{(III)} = Gs_{(II)} + i_2 \frac{\sigma_D^2}{\sigma_d}$$

sendo

σ_D^2 : variância genética dominante.

Convém ressaltar que estas expressões, para o cálculo dos progressos esperados na seleção, são específicas quando se utilizam os citados esquemas de seleção.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1 encontram-se os valores dos quadrados médios ao nível de plantas, obtidos através da análise da variância do látice simples 8×8 , para os dezesseis caracteres estudados. Observa-se que, para os caracteres espessura de casca, medida a 10, 15 e 25 centímetros do solo, e produção de borracha seca, houve diferenças estatísticas significativas entre progênies, indicando a existência de variabilidade genética para estes caracteres nesta população.

Nos três esquemas de seleção, os progressos esperados (Tabela 2) variaram consideravelmente entre os caracteres. Para o caráter espessura de casca, avaliado em diferentes alturas, os progressos oscilaram entre 3,1% e 11,2%, no esquema I, 3,4% e 13,0%, no esquema II, sobre a média original. Para o caráter diâmetro do caule, os progressos esperados oscilaram de 4,7% a 7,0% e 5,3% a 7,9%, nos esquemas I e II, respectivamente. O maior progresso obtido foi com seleção para a produção de borracha seca; 36,3% e 41,1%, nos esquemas I e II, respectivamente.

Os progressos esperados com seleção, utilizando-se o esquema III, foram representados em função dos valores obtidos no esquema II; o sinal de

TABELA 1. Valores e significâncias dos quadrados médios, obtidos nas análises de variância^a do látice simples 8 x 8, para o diâmetro do caule (DC), espessura de casca (EC), altura de planta (AP), produção (P), número de lançamento (NL) e tamanho de lançamento (TL) de progênies de meios-irmãos de seringueira, Manaus, AM, 1980.

F.V.	G.L.	DC - 5 (x10 ⁻²)	DC - 10 (x10 ⁻²)	DC - 15 (x10 ⁻²)	DC - 20 (x10 ⁻²)	DC - 25 (x10 ⁻²)	DC - 30 (x10 ⁻²)
Progênies	63	12,8483 ^{ns}	11,8755 ^{ns}	11,1162 ^{ns}	9,4445 ^{ns}	9,0358 ^{ns}	8,4692 ^{ns}
Erro	49	9,9124	8,8748	8,5478	7,7272	7,5487	9,0632
Dentro	1152	43,8332	40,7910	37,8149	34,8141	31,3657	28,2615
CV (%)		11,9	12,0	12,5	12,7	13,2	15,6

F.V.	G.L.	EC - 5 (x10 ⁻²)	EC - 10 (x10 ⁻²)	EC - 15 (x10 ⁻²)	EC - 20 (x10 ⁻²)	EC - 25 (x10 ⁻²)	EC - 30 (x10 ⁻²)
Progênies	63	3,1638 ^{ns}	3,7867*	3,8387*	3,2794 ^{ns}	3,3023*	3,0227 ^{ns}
Erro	49	2,6747	2,0415	2,4310	2,1990	2,0254	2,0140
Dentro	1152	12,7786	11,8503	11,7283	11,3919	11,1480	9,9967
CV (%)		9,3	9,0	10,7	11,0	11,2	12,1

F.V.	G.L.	AP (x10 ²)	P (x10 ²)	NL ^b (x10 ⁻²)	TL
Progênies	63	6,3081 ^{ns}	2,0143*	1,6143 ^{ns}	4,9182 ^{ns}
Erro	49	6,0176	1,2536	1,4102	6,8244
Dentro	1152	22,1324	6,9107	4,3515	20,1394
CV (%)		12,9	38,3	3,7	14,5

^a Soma de quadrados obtidos com médias de parcelas, exceto SQ (Dentro), obtidas com dados de plantas individuais.

^b Dados transformados para \sqrt{x} .

* Significativo ao nível de 5% de probabilidade.

ns Não-significativo.

maior (>) seguido do progresso estimado neste esquema, é decorrente da impossibilidade de estimar, com estes dados, a magnitude da variância dominante, explorada pela seleção empregando o esquema III.

Esses esquemas de seleção visam obter o máximo de progresso por ciclo, tendo em vista que, em seringueira, são necessários de quatro e meio a cinco anos para completar uma geração, em condições normais.

O primeiro esquema referiu-se à seleção de 20% das progênies de meios-irmãos e, posteriormente, à recombinação destas, eliminando-se as progênies inferiores. O emprego deste método de seleção

possibilita a avaliação dos caracteres durante vários anos em cada ciclo de seleção, até o florescimento das plantas, obtendo-se, com isto, uma redução dos efeitos da interação com anos e um ganho genético tanto do lado feminino como do lado masculino. Assim, para os caracteres em estudo, obteve-se o maior progresso com seleção para o caráter produção de borracha seca (36,33%), decorrente da grande variabilidade genética do tipo aditiva detectada nesta população. Porém tal resultado deve ser tomado com restrições, pelo motivo de a precisão experimental na avaliação deste caráter ter sido baixa.

O segundo esquema de seleção constituiu-se da

TABELA 2. Progressos esperados com seleção direta, por geração, em percentagem das médias dos caracteres e em unidades das médias, considerando três esquemas seletivos para espessura de casca (EC), diâmetro do caule (DC), produção (P), altura de planta (AP) e número de lançamentos (NL) de progênies de meios-irmãos de seringueira, Manaus, AM, 1976/77.

Caráter	Unid.	\bar{X}_0	Esquema I		Esquema II		Esquema III	
			Gs	Gs (%)	Gs	Gs (%)	Gs	Gs (%)
EC - 5	mm	1,755	0,054	3,10	0,059	3,35	> 0,050	> 3,35
EC - 10	mm	1,587	0,177	11,19	0,206	12,98	> 0,206	> 12,98
EC - 15	mm	1,454	0,142	9,78	0,166	11,42	> 0,166	> 11,42
EC - 20	mm	1,344	0,118	8,78	0,133	9,89	> 0,133	> 9,89
EC - 25	mm	1,265	0,139	10,99	0,158	12,48	> 0,158	> 12,48
EC - 30	mm	1,177	0,155	9,76	0,131	11,14	> 0,131	> 11,14
DC - 5	cm	2,654	0,162	6,11	0,183	6,91	> 0,183	> 6,91
DC - 10	cm	2,481	0,172	6,95	0,195	7,85	> 0,195	> 7,85
DC - 15	cm	2,330	0,152	6,54	0,173	7,41	> 0,173	> 7,41
DC - 20	cm	2,183	0,111	5,07	0,122	5,61	> 0,122	> 5,61
DC - 25	cm	2,073	0,098	4,72	0,110	5,32	> 0,110	> 5,32
P	mg	29,201	10,610	36,33	11,989	41,06	> 11,989	> 41,06
AP	cm	189,540	2,289	1,21	2,571	1,36	> 2,571	> 1,36
NL	unid.	10,482	0,032	0,98	0,038	1,19	> 0,038	> 1,19

I - seleção entre progênies de meios-irmãos (20%), com recombinação das melhores mães;

II - seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos (20%), com recombinação das melhores plantas dentro das melhores progênies;

III - seleção dentro e dentro de progênies de meios-irmãos e propagação vegetativa das melhores plantas dentro das melhores progênies;

\bar{X}_0 - média da população original.

seleção de 20% das progênies de meios-irmãos, seguido da seleção massal de 20% das plantas dentro destas progênies e recombinação das melhores plantas. Observa-se pela Tabela 2 que o progresso esperado com seleção para o caráter produção de borracha seca, no esquema II, foi superior mais de 5% em relação ao esquema I. Para os demais caracteres, a superioridade girou em torno de 1 a 2%. Esta superioridade era esperada, pois, neste caso, a seleção foi praticada em duas unidades, entre e dentro de progênies, e foi feita em ambos os sexos tanto entre progênies como entre plantas dentro de progênies.

Em termos práticos, a única diferença do esquema II em relação ao esquema I é que no primeiro esquema houve necessidade de identificação das plantas superiores dentro das melhores progênies e eliminação das plantas inferiores, recombinaando-se somente as superiores. Neste caso, outros aspectos importantes devem ser considerados, como o

número de progênies avaliadas e a intensidade de seleção. O emprego de maior número de progênies no ensaio proporciona maior variabilidade genética, aumentando a probabilidade de ocorrência de progênies superiores, além de possibilitar a aplicação de intensidade de seleção mais forte; com isto, obtém-se um progresso maior e mais rápido, sem correr o risco de redução drástica do tamanho efetivo da população, o que comprometeria o progresso genético de ciclos mais avançados de seleção.

No terceiro esquema seletivo, efetuou-se a seleção de 20% das progênies de meios-irmãos e, dentro destas progênies, selecionaram-se 20% das plantas superiores; posteriormente, fez-se a multiplicação vegetativa dessas plantas. Este método de seleção diferencia-se do anterior porque, neste caso, não há necessidade de recombinação, com o que, conseqüentemente, um ciclo de seleção levaria menos tempo. Em contrapartida, no esquema anterior, a avaliação do material seria feita durante vários

anos. Espera-se que neste esquema o progresso seja superior ao dos dois outros esquemas anteriores, em função da exploração adicional da variância genética dominante existente entre plantas, pela multiplicação vegetativa do material.

A aplicação deste terceiro método de seleção seria mais recomendável a materiais que já foram melhorados e que necessitariam passar por nova seleção, pois a continuação de um novo ciclo de seleção, após obtenção de material de primeiro ciclo, resultaria na dissipação dos efeitos dominantes capitalizados na seleção entre plantas dentro de progênies. No caso de obtenção de ciclos consecutivos de seleção, em programas de melhoramento a longo prazo, seria mais aconselhável a utilização do esquema II.

CONCLUSÕES

1. O maior progresso obtido com seleção aplicando-se o esquema I, entre os caracteres estudados, foi para o caráter produção de borracha seca (36,33%).

2. O progresso esperado com seleção, para o caráter produção de borracha seca no esquema II, foi superior mais de 5% em relação ao esquema I. Para os demais caracteres, a superioridade girou em torno de 1% a 2%.

3. Entre os três esquemas de seleção estudados, constatou-se a viabilidade e a melhor eficiência do esquema II em relação aos dois outros. Embora se esperasse maior progresso com a utilização do esquema III, este tornou-se restrito à seleção de material já melhorado e que necessitaria passar por

novo crivo de seleção; além do mais, o seu uso é limitado a um ciclo de seleção.

REFERÊNCIAS

- BRASIL. SUDHEVEA. Pesquisa é experimentação com seringueira. Plano nacional da borracha. Rio de Janeiro, 1971. Anexo XI.
- COCHRAN, W.G. & COX, G.M. *Experimental designs*. 2.ed. New York, John Wiley and Sons. 1957. 611p.
- MENDES, L.O.T. Poliploidização da seringueira: um novo teste para determinação da capacidade de produção de seringueiras jovens. *Polímeros*, São Paulo, 1(1): 22-30, 1971.
- MIRANDA FILHO, J.B. Princípios de experimentação e análise estatística. In: PATERNIANI, E. *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. Piracicaba, ESALQ, 1978. Cap. 16, p.620-50.
- SIQUEIRA, E.R. Estimativa de parâmetros genéticos de seringueira (*Hevea* sp.) em condições de viveiro. Viçosa, UFV, 1978. 34p. Tese Mestrado.
- STEEL, R.G.D. & TORRIE, J.H. *Principles and procedures of statistics*. New York, Mc Graw Hill, 1960. 481p.
- SUBRAMANIAN, S. Outline of *Hevea* breeding and its objective. In: RUBBER RESEARCH INSTITUTE OF MALAYSIA, Kuala Lumpur, Malásia. RRIM *Hevea* breeding course, lecture notes 1980. Kuala Lumpur, 1981.
- VALOIS, A.C.C. & PAIVA, J.R. Herdabilidade do tamanho de sementes de seringueira (*Hevea* sp.). *Semente*, Brasília, 2(2): 3-7, 1976.
- VALOIS, A.C.C.; PINHEIRO, E.; CONCEIÇÃO, H.E.O. & SILVA, M.N.C. Competição de porta-enxertos de seringueira (*Hevea* sp.) e estimativas de parâmetros genéticos. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, 13(2): 49-54, 1978.
- VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W. E. *Melhoramento e genética*. São Paulo, Melhoramentos, 1969. p.17-38.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. *Melhoramento e produção do milho no Brasil*. Piracicaba, ESALQ, 1978. Cap. 5, p.122-201.