

**COMPETIÇÃO INTERGENOTÍPICA NA ANÁLISE
DE TESTES DE PROGÊNIE EM ESSÊNCIAS
FLORESTAIS**

EDUARDO LEONARDECZ NETO

Tese apresentada à Escola Superior de
Agricultura “Luiz de Queiroz”,
Universidade de São Paulo, para
obtenção do título de Doutor em
Agronomia, Área de concentração:
Genética e Melhoramento de Plantas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
JULHO - 2002

COMPETIÇÃO INTERGENOTÍPICA NA ANÁLISE DE TESTES DE PROGÊNIE EM ESSÊNCIAS FLORESTAIS

EDUARDO LEONARDECZ NETO

Biólogo

Orientador: Prof. Dr. **ROLAND VENCOVSKY**

Tese apresentada à Escola Superior de
Agricultura “Luiz de Queiroz”,
Universidade de São Paulo, para
obtenção do título de Doutor em
Agronomia, Área de concentração:
Genética e Melhoramento de Plantas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
JULHO - 2002

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP**

Leonardez Neto, Eduardo
Competição intergenotípica na análise de testes de progênie em essências florestais /
Eduardo Leonardez Neto. - - Piracicaba, 2002.
60 p.

Tese (doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2002.
Bibliografia.

1. Essência florestal 2. Genética estatística 3. Genética quantitativa 4. Melhoramento genético
vegetal I. Título

CDD 575.10212

“Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor”

DEDICO

À todos que passaram por minha vida, e que se tornaram verdadeiros marcos. Sendo especiais, cada qual de uma maneira impar.

Como a Angélica e Marcos Boldt, Marcio Pie, que muito me ajudaram a andar em fé. Ao Professor Roland, que soube me chamar a atenção em um momento crucial em minha vida, e me fez caminhar quando não queria e não tinha forças para fazê-lo. E de forma muito especial, à minha QUERIDA Alessandra Pereira Fávero, que me fez ver muitos de meus defeitos, e me ajuda a corrigi-los.

AGRADECIMENTOS

Agradeço, sobretudo ao professor **Roland Vencovsky**, que verdadeiramente me auxiliou, orientou, corrigiu, incentivou, deu exemplo. Foi um verdadeiro profissional, a sua forma, verdadeiro amigo, fiel e presente; mesmo sendo eu tão arreadu. Se alguma qualidade há nesse trabalho, todo mérito é dele. Confesso que o Roland fez muito mais que orientar, por inúmeras vezes me “pegou pela mão” e me conduziu. Não sei como expressar tudo que desejo em palavras, mas Professor, a Ti minha admiração e gratidão.

Aos professores do departamento de genética e estatística, pelos valiosos ensinamentos ao longo das disciplinas e nas discussões foras destas.

Aos grandes colegas de pós-graduação dos departamentos de genética, estatística e zootecnia, pelo convívio agradável e descontraído ao longo desta titulação.

Aos colegas Alexandre Coelho, Alexandre Sebbenn, Heiko Rossmann, João Batista Duarte, Monalisa Sampaio, Vanderlei (Vadeco), dentre tantos outros, que sempre estavam próximos e solícitos.

À Alessandra Pereira Fávero, pelo apoio e incentivo, que mesmo sendo no final do trabalho, foi o mais valoroso.

À bibliotecária Silvana, pelo companheirismo e pelas facilidades concedidas na biblioteca.

Ao Instituto Florestal de São Paulo (IF) e ao Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais (IPEF), pelos dados experimentais cedidos.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de doutoramento.

A todos aqueles, que direta ou indiretamente contribuíram para este trabalho.

Por último, mas também, mais importante, a DEUS, razão de minha existência.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	xii
SUMMARY	xiv
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 Experimentação florestal e competição	3
2.2 Índice de competição	8
3 MATERIAL E MÉTODOS	11
3.1 Estrutura dos ensaios	11
3.2 Índice de competição	13
3.3 Modelos matemáticos e análise com covariável	14
3.4 Métodos de seleção	18
3.5 Tamanho efetivo, acurácia e intervalo de confiança	23
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	26
4.1 Análises de variância com e sem covariável e viés associado às estimativas de parâmetros	26
4.1.1 Desenvolvimento teórico	26
4.1.2 Análises de variância dos dados experimentais	38

5 CONCLUSÕES	52
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	53

LISTA DE TABELAS

	Página
1 Resumo da estrutura experimental dos testes de progênie das cinco espécies utilizadas.	11
2 Detalhes das procedências e número de progênies por procedência de <i>A. angustifolia</i> , 1980.	12
3 Esquema da análise de variância e de covariância para dados balanceados em DBC com apenas uma informação por parcela, com as somas de Quadrado (SQ), somas de quadrado ajustados e respectivas esperanças, com e sem ajuste para a covariável.	27
4 Esquema da análise de variância e de covariância para dados balanceados em DBC com mais de uma informação por parcela, com as somas de Quadrado (SQ), somas de quadrados ajustados e respectivas esperanças, com e sem ajuste para a covariável.	28
5 Esquema da análise de variância e de covariância para dados balanceados em DBFC com mais de uma informação por parcela, com as somas de Quadrado (SQ), somas de quadrado ajustados e respectivas esperanças, com e sem ajuste para a covariável.	29
5 Esquema da análise de variância e de covariância para dados balanceados em DBFC com mais de uma informação por parcela, com as somas de Quadrado (SQ), somas de quadrado ajustados e respectivas esperanças, com e sem ajuste para a covariável. (Continuação)	30

6	Análise da variância dos dados de <i>G. gorarema</i> (DAP), sem e com ajuste para a covariável C e análises desta última.	40
7	Análise da variância dos dados de <i>E. grandis</i> (DAP), sem e com ajuste para a covariável C e análises desta última.	41
8	Análise da variância dos dados de <i>E. citriodora</i> (DAP), sem e com ajuste para a covariável C e análises desta última.	42
9	Análise da variância dos dados de <i>P. elliottii</i> (DAP), sem e com ajuste para a covariável C e análises desta última.	43
10	Análise da variância dos dados de <i>A. angustifolia</i> (DAP), sem e com ajuste para a covariável C e análises desta última.	44
11	Estimativas das componentes de variância e parâmetros afins sem e com ajuste dos dados para os efeitos da competição. Dados de DAP das cinco espécies avaliadas.	45
12	Dados e estimativas de parâmetros relacionados com a seleção de árvores baseada em índices multi-efeitos, sem e com ajuste para a covariável competição.	48
13	Ordenamento das árvores selecionadas pelo valor genético (VG) via análise sem e com ajuste, para efeito da competição em <i>G. gorarema</i> . DAP.	49

LISTA DE FIGURAS

	Página
1 Esquema da disposição das árvores em campo para determinação da competição.	13

LISTA DE GRÁFICOS

	Página
1 Relação entre valor genético ajustado e valor genético avaliado em <i>E. grandis</i>	50
2 Relação entre valor genético ajustado e valor genético avaliado em <i>P. elliotii</i>	50
3 Relação entre valor genético ajustado e valor genético avaliado em <i>A. angustifolia</i>	51
4 Relação entre valor genético ajustado e valor genético avaliado em <i>G. gorarema</i>	51

COMPETIÇÃO INTERGENOTÍPICA NA ANÁLISE DE TESTES DE PROGÊNIE EM ESSÊNCIAS FLORESTAIS

Autor: EDUARDO LEONARDECZ-NETO

Orientador: Prof. Dr. ROLAND VENCOVSKY

RESUMO

No presente trabalho buscou-se introduzir o efeito da competição entre plantas nas análises dos testes de progênie/procedências em essências florestais, com o fim de identificar os seus efeitos e as distorções devidas à sua não observância. Para tanto, foram utilizados ensaios com níveis de precisão e mortalidades diferentes, de cinco espécies, a saber: *Galesia gorarema* Vell. Moq., *Eucaliptus grandis* Hill ex Maider, *Eucaliptus citridora* Hook, *Pinus elliotii* Engl. var. *elliotii* e *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. Obtiveram-se as esperanças dos quadrados médios das fontes de variação da análise de variância nos delineamentos aqui utilizados. Com base nestas derivações, foi demonstrado explicitamente o viés nas estimativas de parâmetros genéticos quantitativos. Este viés está diretamente relacionado com a magnitude do coeficiente de regressão **b** e com a grandeza relativa das somas de quadrados de diferentes efeitos contidos na análise de variância da variável competição. Caso ignorado o efeito de competição, quando este influencia a variável resposta Y, os ponderadores b, que compõem o índice de seleção terão estimativas viesadas, gerando erro na seleção dos indivíduos superiores. Na análise de dados observou-se que a inclusão da competição, de maneira geral, reduziu as estimativas das componentes de

variância, e por conseqüência, outras estimativas de parâmetros que são função destes, quando comparado com as estimativas feitas por via das análises sem o ajuste para a competição. A análise com a variável competição não mostrou diferenças significativas para o efeito de progênies. Isto demonstra que a competição comportou-se de forma aleatória, o que corrobora para que seja colocada na análise como uma covariável; caso contrário esta teria que ser considerada uma componente da performance e introduzida numa análise multicaracterística. Utilizando as análises com e sem ajuste para a competição, para estimar os valores genéticos e o ganho com a seleção, observou-se que os indivíduos selecionados não são concordantes. Isto indica que os equívocos na seleção podem ser comuns, haja vista que o fato de se ajustar os dados faz com que o posto dos indivíduos tidos por superiores seja alterado. É recomendável considerar os efeitos da competição na análise de dados em que os indivíduos estão sujeitos a competir uns com os outros, no seu desenvolvimento.

INTERGENOTYPIC COMPETITION IN THE ANALYSIS OF FOREST TREE PROGENY TRIALS

Author: EDUARDO LEONARDECZ-NETO

Adviser: Prof. Dr. ROLAND VENCOVSKY

SUMMARY

The aim of this work was to introduce competition effects in the model underlying the analysis of forest tree experiments. Results were compared with analyses in which effects were neglected. Progeny trails with different levels of precision and mortality were used, including the following species: *Galesia gorarema* Vell. Moq., *Eucaliptus grandis* Hill ex Maider, *Eucaliptus citridora* Hook, *Pinus elliottii* Engl. var. *elliottii* and *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. Mathematical expectation of mean squares values were derived and the bias of estimates was explicitly shown. Competition effects were found significant in all experiments, but were primarily of random nature. Bias was shown to be directly proportional to the magnitude of the regression parameter ***b*** and to the relative magnitude of sums of squares of the competition variable. Including the variable in general lead to a reduction of estimates of variance components and to smaller expected progress from selection. The ***b*** coefficients of multi-effect selection index are also biased if competition is ignored. Results indicated that different sets of genotypes could be selected if the analyses of data were carried out with or without the competition effects. Including a competition

variable in the analysis of trials in which plants are exposed to competing with each other is recommendable.

1 INTRODUÇÃO

O sucesso de programas de melhoramento de plantas depende de ampla gama de fatores. Por se tratar de uma atividade multidisciplinar, requer um adequado planejamento e uma condução criteriosa de suas várias etapas. Na fase de avaliação a campo dos genótipos sob seleção, sabe-se ser fundamental adotar um delineamento experimental que seja suficiente para permitir a identificação dos indivíduos superiores, com número adequado de repetições e que apresente, no final, uma precisão compatível com o objetivo almejado no programa.

Os dados produzidos pelos experimentos, além de orientar as atividades de seleção, são freqüentemente utilizados para estimar parâmetros genéticos quantitativos, úteis para o melhoramento. Tanto em espécies anuais como em perenes, um dos fatores que pode confundir o pesquisador é a competição que se estabelece entre as plantas do ensaio. Esse fenômeno é mais pronunciado em espécies perenes e, como consequência, pode levar a um mascaramento do real potencial produtivo de cada genótipo.

É possível discriminar os efeitos de competição em testes de progênie, mas são necessários modelos estatístico-genéticos que ajustem os dados referentes à variável resposta, minimizando o viés produzido pelo desenvolvimento não igualitário da

vizinhança. Por esta via, busca-se tornar a análise estatística um reflexo do evento biológico, o qual não é perfeitamente descrito via análise usual.

Observa-se que em experimentos florestais, a competição, via de regra, não é incluída nas rotinas de análises, dada a dificuldade de obtenção de estimativas do nível de competição. Isso vem diminuir a eficiência no processo seletivo, já que os resultados devem apresentar distorções devidas a efeitos não isolados pelo modelo utilizado, podendo levar a erro na determinação dos indivíduos superiores, na estimação de parâmetros.

Dessa forma, o desenvolvimento deste trabalho objetivou:

- I. utilizar o ajuste de competição entre plantas vizinhas, em experimentos empregados para seleção em essências florestais;
- II. estimar o viés associado aos parâmetros estimados via esperança dos quadrados médios, que ignoram o efeito da competição;
- III. verificar o efeito de ajuste sobre estimativas do progresso genético e outros parâmetros genéticos quantitativos;
- IV. propor o aprimoramento das análises de ensaios florestais, em que se avaliam materiais genéticos, em função dos resultados obtidos sobre o efeito da competição entre os genótipos avaliados.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Experimentação florestal e competição

A separação da variação genética da não genética é o principal objetivo de estudos da genética quantitativa (Falconer, 1989). Conseqüentemente, é fundamental a minimização ou estratificação da variação ambiental na escolha do delineamento utilizado (Magnussen & Yeateman, 1987). A heterogeneidade ambiental em experimentos genéticos florestais é inevitável, pois tais experimentos ocupam grandes áreas, devido à sua própria constituição. Além disso, os testes são conduzidos durante vários anos, até décadas, conforme o sítio de desenvolvimento da espécie estudada (Magnussen & Yeatman, 1987).

Muita atenção tem-se prestado para reduzir esta heterogeneidade, buscando-se aumentar a eficiência estatística de experimentos genéticos florestais (Libby & Cockerham, 1980). Em inúmeros trabalhos não tão recentes, era comum utilizar grandes parcelas quadradas, como no trabalho de Kageyama (1977), o qual possuía 49 indivíduos por parcela e onde a avaliação era feita apenas nas 25 árvores centrais.

Atualmente os experimentos florestais usam parcelas com número reduzido de árvores por parcela (Correl & Anderson, 1983; Lamberh & Gladstone, 1983; Libby & Cockerham, 1980; Leonardecz-Neto, 1998; Resende, 1995). Um argumento comum

para utilização de parcelas com número pequeno de árvores, é o aumento da eficiência estatística do delineamento, pois diminuindo a unidade experimental, diminui-se também a variância dentro dos blocos (Lamberth & Gladstone, 1983). Quando se considera também a acurácia, percebe-se que, com simulações de experimentos com tamanho fixo, é melhor aumentar o número de repetições em detrimento do tamanho da parcela (Resende, 1995; Resende *et. al.*, 1995), o que contribui para a diminuição da parcela e o aumento do número de repetições.

Uma deficiência importante das parcelas pequenas é o aumento das interações entre indivíduos vizinhos (Magnussen & Yeatman, 1987), devido à competição. Assim, a performance de uma progênie pode ser super ou subestimada devido à maior ou menor agressividade competitiva de seu vizinho. Uma vez estabelecida uma pequena superioridade, dá-se uma rápida distorção entre a performance dos competidores, não dando condições ao genótipo suprimido de expressar sua real condição genotípica (Edwards, 1956; Hühn, 1974).

Podem também ocorrer distorções bastante grandes nas estimativas dos parâmetros genéticos, nos experimentos que utilizam parcelas pequenas (Kempton, 1982; Magnussen & Yeatman, 1987). Isto será particularmente evidente em experimentos de grandes extensões, onde a variância fenotípica eleva-se devido à competição, a qual por sua vez é um componente do quadrado médio do erro (Sakai & Mukaide, 1966; Stern, 1965) e os de outras fontes de variação. Isso, no entanto, pode ser isolado e estimativas mais acuradas podem ser obtidas (Freeman, 1979; Kempton, 1982; Correl & Anderson, 1983; Magnussen & Yeatman, 1987).

Segundo Assman (1970), Birch (1957) e Walther (1960) citados por Magnussen & Yeatman (1987), a competição nos experimentos florestais pode ser definida como: a falta de espaço induzida por uma alta densidade intra-específica, onde esta alta densidade influi diretamente no desenvolvimento do indivíduo. A competição induzida pela densidade é freqüentemente considerada como sendo um balanço em que o potencial da planta é prejudicado ou favorecido, potencializando ou reduzindo o desenvolvimento da planta vizinha (Hühn, 1973; Draper & Guttman, 1980). Os modelos, para estimação dos valores genéticos individuais, consideram que o desenvolvimento da árvore é devido ao seu potencial genético individual, somado ao efeito ambiental, o qual pode ser estimado através de vários métodos (Resende, 1991; Resende & Higa, 1994a e 1994b, Resende, 2002), no entanto tais predições, muitas vezes desconsideram os efeitos da competição.

Os efeitos da competição, induzidos pela densidade no crescimento em florestas e suas conseqüências em vários espaçamentos, têm sido estudadas em plantações de monocultura (Hamilton, 1969, Magnussen, 1994). Publicações sobre os efeitos da densidade induzida, sob vários aspectos genéticos nos materiais florestais, eram pouco expressivas até há pouco tempo atrás (Wilusz & Giertych, 1974; Matheson & Roymond, 1983; Fries, 1984; Franklin, 1979). Atualmente está se dando um pouco mais de atenção à competição (Magnussen, 1994; Magnussen, 1993; Magnussen & Yeatman, 1987; Piutti & Cescatti, 1997), mas no Brasil não há registro da utilização de modelos que pressuponham competição em florestas via um índice que a estime explicitamente. Podem ser encontradas estruturas de análises, que buscam minimizar ou identificar tal efeito, tal como exposto por Mori (1987).

Índices de competição estimam a competição total para árvores adjacentes que se assume estarem afetando o desenvolvimento de outro indivíduo. Tais índices usualmente levam em conta, direta ou indiretamente, o número de competidores, o tamanho do indivíduo, o tamanho do competidor e a distância entre os competidores (Hatch *et al.*, 1975; Daniels; 1976; Magnussen, 1994; Piutti & Cescatti, 1997).

Em experimentos agrícolas – onde o principal objetivo é avaliar o potencial genético para a produção por unidade de área – métodos de análise incluindo o efeito de vizinho próximo são aplicados com grande sucesso no ajuste de valores na parcela (Bartlett, 1978; Besag, 1974; Draper & Guttman, 1980; Freemann, 1979; Kempton, 1982; Kempton & Howes, 1981; Besag & Kempton, 1986). No entanto, há sugestões de alguns autores, de que uma forma adequada de contornar problemas devidos à competição, é uma estruturação experimental própria para se isolar esta fonte de variação, como Gomez (1972) em arroz, Ricch (1973) e Kempton & Lockwood (1984) com feijão. Outras propostas para espécies anuais, tanto para as análises de dados, como para a estruturação experimental, podem ser encontradas em Kempton & Fox (1997).

As análises consideram que o crescimento dos indivíduos da parcela está correlacionado aos indivíduos das parcelas adjacentes, devido ao micro-ambiente comum ou pelo gradiente de nutrientes criado pelo desenvolvimento do vizinho. Uma variante do método do vizinho próximo é o método das médias flutuantes (Wright, 1978), que tem sido aplicado com sucesso nos testes genéticos florestais em que há grande variância fenotípica dentro de blocos (Magnussen & Yeatman, 1987).

Nos últimos anos, vem se tornando mais freqüente o uso de parcelas lineares com reduzido número de indivíduos nos experimentos florestais, com o objetivo de minimizar os efeitos ambientais e maximizar a acurácia seletiva, desta forma, também aumentando a eficiência estatística das análises a serem executadas. No entanto, tal redução da unidade experimental gera algumas dificuldades de análise, devido à mortalidade dentro da parcela ou mesmo à perda da parcela, além da supressão de alguns indivíduos pelos seus vizinhos, devida à competição. Nestes experimentos, observa-se que existem progênes com boa performance em certo bloco, no entanto, com baixa performance em outra repetição, indicando haver fatores ambientais que impedem a expressão das características genéticas da progênie. Isso pode ser devido a um maior potencial competitivo das parcelas vizinhas, que suprimem o desenvolvimento desta progênie e/ou indivíduo.

Nos modelos utilizados para análise de dados dos testes de progênie, com objetivo de melhoramento, não se faz uso dos efeitos de competição, por não haver rotinas estabelecidas ou mesmo um aplicativo desenvolvido para esse fim. Assim, faz-se necessário o estabelecimento de uma rotina de análise, pela qual seja possível minimizar ou excluir o efeito da competição intergenotípica. Desse modo, espera-se isolar de forma mais eficiente a variação devida ao ambiente, fazendo com que a análise expresse de forma mais consistente a realidade experimental.

Percebe-se que, em experimentos agrícolas, vem-se utilizando o efeito de competição nos modelos de melhoramento com sucesso (Besag & Kempton, 1986). Entretanto, no melhoramento florestal tal procedimento não se tornou uma rotina, sendo poucos os autores que incluem tal efeito em seus modelos de predição. Tal fato deve-se

às dificuldades na estimação dos parâmetros decorrentes, pois é necessário fazer ajustes para cada indivíduo. Atualmente os índices referem-se apenas às médias de parcelas e de progênies.

Com o desenvolvimento deste trabalho, serão gerados subsídios para a utilização de correção dos valores observados, buscando reduzir os erros na seleção e maximizando o ganho por unidade de tempo, o qual é o principal objetivo do melhoramento florestal.

2.2 Índice de competição

Normalmente, a análise de dados florestais é feita de forma que os modelos matemáticos utilizados para expressar os efeitos de uma dada variável resposta levem em consideração fatores como tratamentos, bloco, populações e ignoram efeitos “auxiliares” que podem ser estimados. Ao ignorar esses efeitos tem-se um viés nas estimativas de variâncias e de outros parâmetros.

Dentre os muitos efeitos que podem afetar as variáveis de crescimento, a competição deve ser tratada com um pouco mais de atenção, pois a mesma pode distorcer as estimativas dos parâmetros genéticos. Há vários índices que estimam a competição, no entanto, muitos são extremamente complexos em seu uso ou, até mesmo sem a menor utilidade prática, pois apenas podem ser usados em simulações, por possuírem vários parâmetros não estimáveis.

Um índice que, apesar de empírico, é freqüentemente utilizado para estimar a competição, é o Índice de Competição de Hegyi (Piutti & Cescatti, 1997; Magnussen & Yeatman, 1987). Magnussen & Yeatman (1987) propuseram uma forma um pouco mais elaborada para estimar a competição, através da seguinte expressão:

$$C_i = b_1 \left[\frac{1}{2} (Y_{ijk-1} + Y_{ijk+1}) - m \right] + b_2 (\bar{Y}_{v(ijk)} - m)$$

onde:

μ = média geral no experimento;

$\bar{Y}_{v(ijk)}$ = média da observação dos competidores vizinhos em mesma posição, mas em linhas adjacentes;

β_1 e β_2 = coeficientes de regressão linear entre a variável resposta de indivíduos de mesma progênie e entre indivíduos não aparentados, respectivamente;

$\left[\frac{1}{2} (Y_{ijk-1} + Y_{ijk+1}) - m \right]$ = efeito associado a Y_{ijk} relativo ao coeficiente β_1 (entre parentes);

$(\bar{Y}_{v(ijk)} - m)$ = efeito associado a Y_{ijk} relativo ao coeficiente β_2 (entre não parentes);

O valor de Y_{ijk} poderia então ser ajustado por meio da expressão

$$\hat{Y}_{ijk}^* = \beta_1 \frac{(Y_{ijk} - \beta_2)}{\beta_1 \bar{Y}_{v(ijk)}} \sum_{n=1}^n \beta_1^n \text{ conforme sugeriu Magnussen \& Yeatman (1987). No entanto,}$$

esta expressão considera ausência de mortalidade, o que a torna inadequada para situações reais. Assim, na expressão de ajuste do valor individual deve-se considerar as falhas nas parcelas. Porém, há necessidade de realizar estudos para que se encontre a maneira mais adequada de fazer considerações quanto à mortalidade.

Por outro lado, existem índices de competição que são mais complexos, como o apresentado por Magnussen (1994), mas tal índice serve apenas para simulações, como

já mencionado, já que vários parâmetros deste não podem ser estimados, apenas variando-se seus valores em avaliações numéricas para verificar os possíveis efeitos da competição.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Estrutura dos ensaios

Neste trabalho foram utilizados dados cedidos pelo Instituto Florestal de São Paulo (IF) e pelo Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais (IPEF). Trabalhou-se com cinco espécies a saber: *Galesia gorarema* Vell. Moq., *Eucalyptus grandis* Hill ex Maider, *Eucalyptus citriodora* Hook, *Pinus elliottii* Engl. var. *elliottii* e *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze.

Empregaram-se dados de testes de progênes, cuja estrutura é dada na Tabela 1.

Tabela 1. Resumo da estrutura experimental dos testes de progênie das cinco espécies utilizadas.

	<i>G. gorarema</i>	<i>E. grandis</i>	<i>E. citriodora</i>	<i>P. elliottii</i>	<i>A. angustifolia</i>
Delimitamento	DBC	DBC	DBC	DBC	DBFC
(Sub) Parcela	Linear	Linear	Linear	Linear	Linear
Plantas/Parcela	5	10	6	4	10
Repetições	6	3	4	5	3
Progênes	58	56	56	32	123
Espaçamento (m)	3x3	3x3	3x2	3x3	3x2

DBFC: Delineamento em Blocos de Famílias Compactas; DBC: Delineamento em Blocos Casualizados.

O teste de procedências de *P. elliottii* foi implantado em 1973 no Parque Estadual de Campos do Jordão. Os testes de progênie de *E. citriodora* e *E. grandis* foram instalados na Estação Experimental do Anhembi em 1988 e 1982 respectivamente, e o de *G. gorarema* foi instalado em 1982 em Pederneiras.

O ensaio de *A. angustifolia* foi estruturado em um delineamento em blocos de famílias compactas (DBFC). Foram utilizadas 123 progênies, distribuídas em 15 procedências (populações), com subparcelas lineares de dez plantas e três repetições. A coleta das procedências foi feita nos Estados de Minas Gerais, São Paulo, Paraná e Santa Catarina. O teste de procedência/progênie foi instalado em 1980 na Estação Experimental de Itapeva.

Tabela 2. Detalhes das procedências e número de progênies por procedência de *A. angustifolia*, 1980.

	Procedência	Progênies	Lat. (°S)	Long. (°W)	Alt. (m)
1	Barbacena –MG	9	21°00'	43°50'	1206
2	Ipiúna de Calda – MG	14	21°40'	46°10'	1300
3	Congonhal – MG	6	21°42'	46°15'	854
4	Lambari – MG	5	22°00'	45°30'	878
5	Vargem Grande do Sul – SP	5	21°30'	46°30'	800
6	Camanducaia – MG	7	22°30'	46°20'	1600
7	Campos do Jordão – SP	9	19°00'	45°30'	1800
8	Itapeva – SP	9	24°17'	48°54'	930
9	Itararé –SP	10	24°30'	49°10'	930
10	Iratí - PR	7	25°30'	50°36'	880
11	Iratí (Tardio) – PR	10	25°30'	50°36'	880
12	Quatro Barras – PR	9	25°20'	49°14'	915
13	Caçador – SC	4	26°46'	51°01'	960
14	Chapecó – SC	9	27°07'	52°36'	675
15	Três Barras – SC	10	25°15'	50°18'	760

Para análise foram utilizados dados coletados com mais de dez anos de desenvolvimento.

3.2 Índice de competição

Neste trabalho foi utilizado o Índice de Competição de Hegyi (Hegyi, 1974), devido à sua fácil utilização e compreensão e por não apresentar dificuldades de estimação. Consiste em se obter uma medida de competição por meio das distâncias e do desenvolvimento dos oito possíveis vizinhos de cada planta, no ensaio.

O esquema abaixo (Figura 1) representa um indivíduo a ser avaliado, e seus vizinhos que potencialmente podem estar influenciando se desenvolvimento.

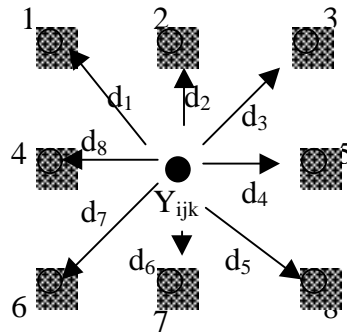


Figura 1 - Esquema da disposição das árvores em campo para determinação da competição.

A expressão que mensura a competição é:

$$C_{ijk} = \sum_{k=1}^8 \frac{\left(\frac{Y_{ijk'}}{Y_{ijk}} \right)}{DIST_{ijk,ijk'}} = \sum_{k=1}^8 \frac{Y_{ijk'}}{DIST_{ijk,ijk'} Y_{ijk}}$$

em que:

C_{ijk} = valor de competição referente ao indivíduo ijk ;

Y_{ijk} = valor fenotípico do indivíduo k , da progênie i , no bloco j , mensurado para um certo caráter quantitativo. Na presente pesquisa considerou-se o diâmetro a altura do peito (DAP);

$Y_{ijk'}$ = valor fenotípico mensurado no competidor k' ;

$DIST_{ijk,ijk'}$ = distância entre o indivíduo k e seu competidor k' .

No caso de falhas adjacentes ao indivíduo ijk , o dado correspondente é ignorado no cálculo de C_{ijk} .

Este índice de competição não será nulo, mesmo em uma condição hipotética onde todos os indivíduos do ensaio tenham um desenvolvimento igualitário. Nesta condição, mesmo que todos os indivíduos possuam o mesmo desenvolvimento ($Y_{ijk} = Y_{ijk'}$), tem-se que:

$$C_{ijk}^* = \sum_{k=1}^8 \frac{1}{DIST_{ijk,ijk'}}$$

O somatório do inverso das distâncias entre competidores é o valor esperado quando todos os indivíduos em questão estão respondendo igualmente à competição.

3.3 Modelos matemáticos e análise com carariável

O modelo linear para descrição do valor individual, comumente utilizado em um delineamento em blocos casualizados, com K informações por parcela é:

$$Y_{ijk} = m + f_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk} \quad (1)$$

em que:

Y_{ijk} = valor do k-ésimo indivíduo no j-ésimo bloco da i-ésima progênie;

m = média geral;

f_i = efeito da progênie i ($i= 1, 2, 3, \dots, I$);

b_j = efeito do bloco j ($j= 1, 2, 3, \dots, J$);

e_{ij} = erro experimental, inerente à parcela ij ;

d_{ijk} = desvio fenotípico do indivíduo k dentro da parcela ij ($k=1, 2, 3, \dots, K$).

Este modelo matemático indica que uma dada variável resposta é função apenas de efeitos tais como do ambiente comum (bloco), do potencial genético (progênie), do indivíduo na parcela (desvio fenotípico dentro) e de um resíduo que é função de efeitos não mensuráveis ou que não foram isolados pelo delineamento. No entanto, pode haver algum fator adicional influenciando a variável resposta em questão. Este fator não sendo incluído no modelo matemático, e obviamente nas análises, gerará uma inadequação do modelo. Não sendo o efeito deste fator isolado no resíduo, ele poderá levar a um viés nas estimativas dos parâmetros.

Um dos métodos utilizados para ajustar a variável resposta, quando influenciada por uma variável adicional, é a análise de covariância, comumente denominada de análise com covariável. Este método permite corrigir os dados de uma forma tal que as variações devidas à covariável sejam minimizadas, ou até mesmo anuladas, fornecendo assim, estimativas corretas das componentes de variância e de outros parâmetros.

Considerando um modelo estatístico tradicional e incluindo uma covariável X , tem-se (Federer, 1955; Steel & Torrie, 1980; Searle, 1987; Vencovsky & Barriga, 1992; Ramalho et al, 2000; Resende, 2002):

$$Y_{ijk} = m + f_i + b_j + \mathbf{b}(X_{ijk} - \bar{X}...) + e_{ij} + d_{ijk}$$

Sendo que no presente caso:

$$Y_{ijk} = m + f_i + b_j + \mathbf{b}(C_{ijk} - \bar{C}...) + e_{ij} + d_{ijk} \quad (2)$$

em que:

\mathbf{b} é o coeficiente de regressão linear entre a variável resposta e a covariável, C_{ijk} é o valor da variável de competição associada ao indivíduo ijk e $\bar{C}...$ é a média geral da variável de competição no ensaio.

Como o objetivo é retirar o efeito da variável que está influenciando a variável resposta, pode-se reescrever o modelo da seguinte forma:

$$Y_{ijk} - \mathbf{b}(C_{ijk} - \bar{C}...) = m + f_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk} \quad (3)$$

Assim afasta-se a influência da covariável sobre a variável resposta.

Substituindo o valor médio da covariável pela expectativa de ausência de competição, como sugerido anteriormente, tem-se:

$$Y_{ijk} - \mathbf{b}(C_{ijk} - C_{ijk}^*) = m + f_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk} \quad (4)$$

Esta estruturação feita em (4), não altera a inclinação da reta da regressão, altera apenas sua posição no plano. Aqui se utilizou para análise o procedimento padrão do SAS[®], o qual faz uso do modelo (2), no entanto, para cálculo dos valores de Y ajustados, o desvio utilizado foi em relação à ausência de competição, ou seja:

$\hat{Y}_{ijk} = Y_{ijk} - \hat{\beta}(C_{ijk} - C_{ijk}^*)$. Este procedimento faz com que não haja correção para Y_{ijk}

em uma condição de vizinhança igualitária, já que o multiplicador do coeficiente \mathbf{b} será nulo ($C_{ijk} = C_{ijk}^*$).

As pressuposições assumidas para se proceder à análise, incluindo uma covariável, conforme Steel & Torrie (1980); Ramalho et al. (2000) e Resende (2002), são as seguintes:

- i) a covariável é uma variável matemática, medida sem erro e independente dos tratamentos;
- ii) a regressão entre Y e C, após remoção das diferenças de blocos e tratamentos, é linear e independente de blocos e tratamentos;
- iii) o resíduo é normalmente e independentemente distribuído, com média zero e variância $1s_e^2$.

Para a covariável competição, estas três pressuposições não são satisfeitas na íntegra, uma vez que a estimativa da competição de cada indivíduo viola a primeira condição. Mas trabalhos como o de Storck (1989), demonstram que a utilização de índices contendo erros de estimativas e dependentes dos dados, não deve ser a única ou a principal preocupação para se fazer uma análise confiável. A escolha adequada do local para a realização dos experimentos, a redução da variância do erro experimental e de blocos são tão ou mais importantes do que o erro associado à covariável. Este autor também demonstrou que, com número adequado de tratamentos e/ou blocos, a dependência entre a covariável X e a variável resposta Y, bem como os erros contidos em X provocam prejuízos mínimos à análise da covariância. Eberhart & Russel (1966), também violam a condição (i), na execução de sua proposta de análise de estabilidade.

Com a inclusão da covariável C_{ijk} nas análises, a metodologia que compõe esta pesquisa incluiu também a obtenção das esperanças matemáticas dos quadrados médios

ajustados, e de estimativas das componentes da variância e parâmetros afins, após o ajuste. Na estimação das componentes usou-se o método dos momentos. Para fins de comparação, estimativas destes parâmetros também foram obtidas sem a inclusão da covariável. Isto foi feito com base nas esperanças matemáticas dos quadrados médios não ajustados. Foram obtidas as esperanças dos quadrados médios das análises que ignoram o efeito de uma covariável e as respectivas esperanças após ajuste para uma covariável no modelo matemático. As deduções foram feitas para três delineamentos, a saber: a) blocos inteiramente ao acaso com apenas uma informação por parcela (parcialmente relatada na literatura) (DBC); b) blocos inteiramente ao acaso com mais de uma informação (planta) por parcela (DBC); c) blocos de famílias compactas com mais de uma informação por parcela (DBFC).

3.4 Métodos de seleção

É importante frisar que os métodos de seleção que consideram apenas um caráter foram desenvolvidos para serem aplicados fazendo-se uso apenas da variável resposta sem ajuste. Isso posto, e considerando o que já foi apresentado até aqui, espera-se que vários erros venham sendo cometidos na seleção dos indivíduos que farão parte da população recombinante, se não for feito ajuste para competição. Sendo assim, neste trabalho foram obtidas estimativas do valor genético dos indivíduos, fazendo-se uso do índice de competição e também ignorando-o, para verificar qual sua influência sobre a seleção dos genótipos.

Dada a facilidade de obter os valores de Y ajustados, não será feita nenhuma modificação nas expressões que estimam o valor genético das árvores, para fins de seleção. Tendo isso em vista, a descrição que segue apenas fará menção à variável resposta, sem ajuste.

Dentre os modelos de seleção utilizados no melhoramento de essências florestais, o índice multi-efeitos e combinado destacam-se, por serem mais acurados e por levarem a progressos genéticos de magnitudes superiores, quando comparados a outros métodos (Leonardecz-Neto, 1998). A seleção por meio deste índice, baseia-se na multiplicação dos valores fenotípicos referentes ao indivíduo, à média da progênie, à média do bloco e à média geral do experimento pelos respectivos coeficientes de ponderação.

Os coeficientes de ponderação do índice são determinados de forma que a correlação entre o índice e o valor genético seja máxima. Essa maximização ocorre através da regressão do valor genético sobre os valores fenotípicos, o que conduz ao seguinte sistema matricial (Henderson, 1963): $Pb=G$, em que P é a matriz de covariância fenotípica entre os efeitos incluídos no índice, G é o vetor coluna de covariância entre os efeitos incluídos no índice e o valor genético sendo estimado, e b é o vetor coluna dos coeficientes de ponderação do índice. De acordo com o exposto por Resende & Higa (1994), o sistema matricial assume a seguinte forma, se for considerado um delineamento em blocos casualizados (DBC) com mais de uma planta por parcela.

$$\begin{bmatrix} \frac{n-1}{n} \mathbf{s}_d^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{p-1}{p} \left(\mathbf{s}_p^2 + \frac{\mathbf{s}_e^2}{b} + \frac{\mathbf{s}_d^2}{nb} \right) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{(p-1)(b-1)}{p} \left(\mathbf{s}_e^2 + \frac{\mathbf{s}_d^2}{n} \right) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \frac{(b-1)}{b} \left(\mathbf{s}_b^2 + \frac{\mathbf{s}_e^2}{p} + \frac{\mathbf{s}_d^2}{np} \right) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{(n-1)(1-r)}{n} \mathbf{s}_A^2 \\ \frac{(p-1)1+(nb-1)}{p} \mathbf{s}_A^2 \\ \frac{(1-r)(b-1)(p-1)}{nb} \mathbf{s}_A^2 \\ \frac{(b-1)(1-r)}{np} \mathbf{s}_A^2 \end{bmatrix}$$

A matriz \mathbf{P} é diagonal, em função de as covariâncias entre os efeitos do modelo matemático serem nulas. Assim sendo, os coeficientes do índice correspondem às herdabilidades associadas aos efeitos de indivíduos dentro de parcelas (h_d^2), de progênies (h_f^2), de parcelas (h_p^2) e de blocos (h_b^2), de forma que:

$$b_1 = h_d^2 = \frac{(1-r) \mathbf{s}_A^2}{\mathbf{s}_d^2}$$

$$b_2 = h_f^2 = \frac{\frac{1+(nb-1)r}{nb} \mathbf{s}_A^2}{\mathbf{s}_f^2 + \frac{\mathbf{s}_e^2}{b} + \frac{\mathbf{s}_d^2}{nb}}$$

$$b_3 = h_p^2 = \frac{\frac{1-r}{n} \mathbf{s}_A^2}{\mathbf{s}_e^2 + \frac{\mathbf{s}_d^2}{n}}$$

$$b_4 = h_b^2 = \frac{\frac{1-r}{np} \mathbf{s}_A^2}{\mathbf{s}_b^2 + \frac{\mathbf{s}_e^2}{p} + \frac{\mathbf{s}_d^2}{np}}$$

em que:

n= número de plantas por parcela; r= coeficiente genético de correlação intraclasse entre indivíduos nas progênies. Neste trabalho assume-se que as progênies são de meios irmãos, de modo que r=0,25; b= número de blocos; p= número de progênies; \mathbf{s}_A^2 = variância genética aditiva; \mathbf{s}_d^2 = variância dos desvios fenotípicos dentro de parcelas;

s_e^2 = variância do erro experimental; s_b^2 = variância entre blocos; s_f^2 = variância entre progênies.

Segundo Resende & Higa (1994b), a expressão para estimação do valor genético com uma seleção baseada em desvios, adequada para DBC com mais de uma planta por parcela, passa a ser:

$$I_{ijk} = h_d^2(Y_{ijk}) + (h_p^2 - h_d^2)\bar{Y}_{ij.} + (h_b^2 - h_p^2)\bar{Y}_{.j.} + (h_f^2 - h_p^2)\bar{Y}_{i..} + (h_p^2 - h_b^2 - h_f^2)\bar{Y}...$$

em que:

I_{ijk} = valor genético do indivíduo ijk ;

h_p^2 = herdabilidade ao nível de parcela;

h_b^2 = herdabilidade ao nível de bloco;

h_f^2 = herdabilidade ao nível de progênie.

Nos ensaios de progênies/procedências, é necessário incluir no modelo o efeito de procedências, o qual pode ser considerado como fixo (usualmente quando o número de procedências é pequeno), ou aleatório. Ao fazer uso da consideração de que o efeito da população como sendo fixo, pode-se usar a descrição de análise assim como está em White & Hodge, 1989 e Resende *et al.*, 1996; em que a estimação fica idêntica à do DBC, como se estivesse fazendo uso de apenas uma população.

Na situação em que o efeito de procedências é aleatório, deve-se proceder como descrito por Resende (2002). De acordo com o modelo que inclui o efeito de competição, em sua expressão usual, o método índice multi-efeitos fica:

$$I_{ijkl} = b_5(Y_{ijkl} - \bar{Y}_{ij..}) + b_6(\bar{Y}_{ij..} - \bar{Y}_{i...} - \bar{Y}_{.j..} + \bar{Y}_{....}) + b_7(\bar{Y}_{i...} - \bar{Y}_{....}) + b_8(\bar{Y}_{.j..} - \bar{Y}_{....}) + b_9(\bar{Y}_{.j..} - \bar{Y}_{....} - \bar{Y}_{.j..} + \bar{Y}_{....})$$

em que:

I_{ijkl} = valor genético; Y_{ijkl} = valor do indivíduo k, no bloco j, pertencente a progênie i e à procedência l; $\bar{Y}_{ij..}$ = média de parcela ij.l ; $\bar{Y}_{i...}$ = média da progênie i pertencente à procedência l; $\bar{Y}_{.j..}$ = média da procedência l no bloco j; $\bar{Y}_{....}$ = média de procedência l; $\bar{Y}_{.j..}$ = média de bloco j; $\bar{Y}_{....}$ = média geral.

Considerando-se ausência de parentesco entre procedências, tem-se que:

$$b_5 = h_d^2 = \frac{(1-r)\mathbf{s}_{AD}^2}{\mathbf{s}_d^2}$$

$$b_6 = h_p^2 = \frac{\frac{1-r}{n}\mathbf{s}_{AD}^2}{\mathbf{s}_{eb}^2 + \frac{\mathbf{s}_d^2}{n}}$$

$$b_7 = h_f^2 = \frac{\frac{1+(nb-1)r}{nb}\mathbf{s}_{AD}^2}{\mathbf{s}_f^2 + \frac{\mathbf{s}_{eb}^2}{b} + \frac{\mathbf{s}_d^2}{nb}}$$

$$b_8 = h_{pop}^2 = \frac{\mathbf{s}_{AE}^2 + \frac{1+(nb-1)r}{npb}\mathbf{s}_{AD}^2}{\mathbf{s}_{pop}^2 + \frac{\mathbf{s}_{ea}^2}{b} + \frac{\mathbf{s}_f^2}{p} + \frac{\mathbf{s}_{eb}^2}{pb} + \frac{\mathbf{s}_d^2}{npb}}$$

$$b_9 = h_{pb}^2 = \frac{\frac{1-r}{np}\mathbf{s}_{AE}^2}{\mathbf{s}_{ea}^2 + \frac{\mathbf{s}_{eb}^2}{p} + \frac{\mathbf{s}_d^2}{np}}$$

em que:

h_{pop}^2 = herdabilidade entre procedências; s_{pop}^2 = variância entre procedências; s_{AE}^2 = variância genética aditiva entre procedências; s_{AD}^2 = variância genética aditiva dentro de procedências;

Ao utilizar o índice de seleção, após incluir a covariável competição, as expressões de I_{ijk} e I_{ijkl} usadas nesta pesquisa, são as mesmas que as dadas anteriormente. A exceção sendo os vários valores individuais de Y , que sofreram ajuste, e por conseqüência, as médias serão ajustadas também; e as herdabilidades, todas agora estimadas após ajuste dos dados e dos quadrados médios, via covariância.

3.5 Tamanho efetivo, acurácia e intervalo de confiança

Um caminho seguro para o melhoramento genético, em busca do teto seletivo (sem perda aleatória de alelos favoráveis), dentro da população de recombinação, implica na manutenção de um tamanho efetivo (N_e) grande o suficiente para a manutenção dos alelos favoráveis, e primordialmente de baixa freqüência. Assim, recomenda-se que os ganhos genéticos sejam maximizados para uma condição de restrição de N_e (Resende, 1995b). De acordo com alguns autores (Rawlings, 1970; Kang, 1970 e Pereira & Vencovsky, 1980), o valor de N_e para se obter o teto seletivo, de forma a capitalizar alelos favoráveis com freqüência igual ou superior a 5%, deve ser de 30 a 60. Com um N_e desta magnitude, só os alelos com freqüência inferior a 5%, têm maior probabilidade de serem perdidos por deriva.

A metodologia usada aqui para obter os valores de N_e em populações com seleção de diferentes números de indivíduos por progênie e, em função de sua biologia reprodutiva, está descrito em Vencovsky (1978) e Rezende e Bertolucci (1995b). Neste trabalho não foi estabelecido um percentual da população avaliada para fazer parte da população recombinante. Utilizou-se com restrição o N_e , estabelecendo como mínimo para se exercer a seleção, o N_e de 35. Este número foi estabelecido para o método de análise que necessitasse de maior número de indivíduos (N) para se obter este N_e , sendo que para o outro, fez-se todas as estimativas com o mesmo número de indivíduos (N), para fins de comparação.

A acurácia, segundo Resende *et al.* (1995b), é a correlação do valor genético verdadeiro e o valor do índice de seleção obtido para estimá-lo. Este parâmetro permite discernir o método que conduz as maiores possibilidades de ganho. A acurácia foi estimada neste trabalho conforme descrito em Resende *et al.* (1995b) e Leonardecz-Neto *et al.* (1999).

O intervalo de confiança do ganho genético (IC), referente aos métodos de seleção foi construído considerando o estimador da variância do erro contido nos valores genéticos aditivos preditos, conforme descrito em Resende, *et al.* (1995b). Métodos de maior acurácia irão apresentar intervalos menos amplos. É importante salientar que não se deve analisar apenas o limite superior dos intervalos para a escolha do melhor método, mas sim, os limites inferiores. A seleção de um pequeno número de indivíduos permite um maior limite de confiança, mas deve-se considerar que existem 50% (quando se trabalha com nível de significância próximo de 100%) de confiança de

que o verdadeiro ganho genético situe-se entre o limite inferior e o ganho genético estimado.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análises de variância com e sem covariável e viés associado às estimativas de parâmetros

4.1.1 Desenvolvimento teórico

Nas Tabelas 3, 4 e 5 são dados os esquemas de análise de variância e covariância, as expressões para obter as somas dos quadrados (SQ), bem como as esperanças dos quadrados médios ($E(QM)$) com e sem ajuste para a covariável competição.

Para DBC (Delineamento em Blocos Casualizados), o modelo matemático é o seguinte:

$$Y_{ij} = m + f_i + b_j + \mathbf{b}(C_{ij} - \bar{C}_{..}) + e_{ij} \quad (5)$$

em que:

Y_{ij} = valor da progênie i no bloco j; m = média geral do experimento; f_i = valor genético da progênie i; b_j = efeito de bloco j; \mathbf{b} = coeficiente de regressão entre a variável resposta (Y) e a covariável (C); C_{ij} = valor da covariável associado à progênie i do bloco j; $\bar{C}_{..}$ = média geral da covariável; e_{ij} = erro experimental.

Tabela 3. Esquema da análise de variância e de covariância para dados balanceados em DBC com apenas uma informação por parcela, com as somas de quadrado (SQ), somas de quadrado ajustados e respectivas esperanças, com e sem ajuste para a covariável.

FV	GL	SQ	SQ(ajustado)	E(QM)s/ ajuste	E(QM)ajustado
bloco	(J-1)	$\sum_j \frac{Y_{.j}^2}{I} - \frac{Y_{..}^2}{IJ}$	$SQB_y - \frac{(SPB + SPE)^2}{SQB_c + SQE_c} + \frac{(SPE)^2}{SQE_c}$	$\mathbf{s}_e^2 + \mathbf{b}^2(SQB_c) + I\mathbf{s}_b^2$	$\mathbf{s}_e^2 + I\mathbf{s}_b^2 \left(1 - \frac{QMB_c}{SQB_c + SQE_c} \right)$
Trat	(I-1)	$\sum_i \frac{Y_{i.}^2}{J} - \frac{Y_{..}^2}{IJ}$	$SQT_y - \frac{(SPT + SPE)^2}{SQT_c + SQE_c} + \frac{(SPE)^2}{SQE_c}$	$\mathbf{s}_e^2 + \mathbf{b}^2(SQT_c) + J\mathbf{s}_f^2$	$\mathbf{s}_e^2 + J\mathbf{s}_f^2 \left(1 - \frac{QMT_c}{SQT_c + SQE_c} \right)$
Erro	(I-1)(J-1)	$\sum_{ij} Y_{ij}^2 - \sum_i \frac{Y_{i.}^2}{J} - \sum_j \frac{Y_{.j}^2}{I} + \frac{Y_{..}^2}{IJ}$	$SQE_y - \frac{(SPE)^2}{SQE_c}$	$\mathbf{s}_e^2 + \mathbf{b}^2(SQE_c)$	\mathbf{s}_e^2
Total	IJ-1	$\sum_{ij} Y_{ij}^2 - \frac{Y_{..}^2}{IJ}$	$SQTotal_y - \frac{(SPTotal + SPE)^2}{SQTotal_c + SQE_c} + \frac{(SPE)^2}{SQE_c}$		

Para a variável resposta (Y): Y_{ij} = valor da parcela ij; $Y_{i.}$, $Y_{.j}$, $Y_{..}$ = totais da progênie i, bloco j e geral. SQB, SQT, SQE e SQTotal= soma de quadrado de blocos, progênies, erro experimental e total para a variável resposta (Y) e a covariável (C), respectivamente. SP são as somas de produtos e QM os quadrados médios, apresentados com a mesma indexação.

Para DBC (Delineamento em Blocos Casualizados), com mais de uma planta por parcela, conforme o modelo matemático (2).

Tabela 4. Esquema da análise de variância e de covariância para dados balanceados em DBC com mais de uma informação por parcela, com as somas de quadrado (SQ), somas de quadrado ajustados e respectivas esperanças, com e sem ajuste para a covariável.

FV	GL	SQ	SQ(ajustado)	E(QM)s/ ajuste	E(QM)ajustado
Bloco	(J-1)	$\sum_j \frac{Y_{.j.}^2}{IK} - \frac{Y_{...}^2}{IJK}$	$SQB_y - \frac{(SPB + SPE)^2}{SQB_c + SQE_c} + \frac{(SPE)^2}{SQE_c}$	$s_d^2 + Ks_e^2 + b^2(SQB_c) + IKs_b^2$	$s_d^2 + Ks_e^2 \left(1 - \frac{QME_c}{SQE_c + SQd_c}\right) + IKs_b^2 \left(1 - \frac{QMB_c}{SQB_c + SQE_c}\right)$
Trat	(I-1)	$\sum_i \frac{Y_{i..}^2}{JK} - \frac{Y_{...}^2}{IJK}$	$SQT_y - \frac{(SPT + SPE)^2}{SQT_c + SQE_c} + \frac{(SPE)^2}{SQE_c}$	$s_d^2 + Ks_e^2 + b^2(SQT_c) + JKs_f^2$	$s_d^2 + Ks_e^2 \left(1 - \frac{QME_c}{SQE_c + SQd_c}\right) + JKs_f^2 \left(1 - \frac{QMT_c}{SQT_c + SQE_c}\right)$
Erro	(I-1)(J-1)	$\sum_{ij} Y_{ij}^2 - \sum_i \frac{Y_{i..}^2}{JK} - \sum_j \frac{Y_{.j.}^2}{IK} + \frac{Y_{...}^2}{IJK}$	$SQE_y - \frac{(SPE + SPd)^2}{SQE_c + SQd_c} + \frac{(SPd)^2}{SQd_c}$	$s_d^2 + Ks_e^2 + b^2(SQE_c)$	$s_d^2 + Ks_e^2 \left(1 - \frac{QME_c}{SQE_c + SQd_c}\right)$
Dentro	IJ(K-1)	$\sum_{ijk} Y_{ijk}^2 - \sum_{ij} \frac{Y_{ij.}^2}{K}$	$SQd_y - \frac{(SPd)^2}{SQd_c}$	$s_d^2 + b^2(SQd_c)$	s_d^2
Total	IJ-1	$\sum_{ijk} Y_{ijk}^2 - \frac{Y_{...}^2}{IJK}$	$SQTotal_y - \frac{(SPTotal + SPE)^2}{SQTotal_c + SQE_c} + \frac{(SPE)^2}{SQE_c}$		

Para a variável resposta (Y): Y_{ijk} = valor do indivíduo k dentro do bloco j e pertencente à progênie i; $Y_{i..}$, $Y_{.j.}$, $Y_{...}$, $Y_{ij.}$ = totais de progênies, blocos, geral e parcelas. SQB, SQT, SQE, SQd e SQTotal= soma de quadrados de blocos, progênies, erro experimental, dentro de parcelas e geral para a variável resposta (Y) e a covariável (C), respectivamente. SP são as somas de produtos e QM os quadrados médios, apresentados com a mesma indexação.

Para DBFC (Delineamento em Bloco de Famílias Compactas) com mais de uma informação por parcela:

$$Y_{ijkl} = m + p_l + b_j + a_{ij} + f_{i(l)} + \mathbf{b}(C_{ijkl} - \bar{C}_{\dots}) + e_{ijk} + d_{ijkl} \quad (6)$$

em que:

Y_{ijkl} = valor do indivíduo k, da população l, no bloco j e pertencente à progênie $i_{(l)}$; m= média geral do experimento; p_l = valor genético da procedência l; b_j = efeito de bloco j; a_{ij} = erro (a), ao nível de procedências; $f_{i(l)}$ = valor da progênie i pertencente a procedência l; β = coeficiente de regressão entre a variável resposta (Y) e a covariável (C); C_{ijkl} = valor da covariável associado ao indivíduo k, da progênie $i_{(l)}$, dentro da procedência l e no bloco j; \bar{C}_{\dots} = média geral da covariável; e_{ijk} = erro experimental; d_{ijkl} = desvio fenotípico do indivíduo dentro da parcela ijl .

Tabela 5. Esquema da análise de variância e de covariância para dados balanceados em DBFC com mais de uma informação por parcela, com as somas de quadrado (SQ), somas de quadrado ajustados e respectivas esperanças, com e sem ajuste para a covariável.

FV	GL	SQ	SQ(ajustado)	E(QM)s/ ajuste
Bloco	J-1	$\sum_j \frac{Y_{j..}^2}{IKL} - \frac{Y_{....}^2}{IJKL}$	$SQB_y - \frac{(SPB + SPEa)^2}{SQB_C + SQEa_C} + \frac{(SPEa)^2}{SQEa_C}$	$s_d^2 + Ks_{eb}^2 + IKs_{ea}^2 + \mathbf{b}^2(SQB_C) + IKLs_b^2$
Pop	L-1	$\sum_i \frac{Y_{i..}^2}{IJK} - \frac{Y_{....}^2}{IJKL}$	$SQP_y - \frac{(SPP + SPEa)^2}{SQP_C + SQEa_C} + \frac{(SPEa)^2}{SQEa_C}$	$s_d^2 + Ks_{eb}^2 + IKs_{ea}^2 + \mathbf{b}^2(SQP_C) + JKs_f^2 + IJKs_p^2$
Erro(a)	(L-1)(J-1)	$\sum_{ijl} \frac{Y_{ijl}^2}{K} - \sum_i \frac{Y_{i..}^2}{IJK} - \sum_j \frac{Y_{j..}^2}{IKL} + \frac{Y_{....}^2}{IJKL}$	$SQEa_y - \frac{(SPEa + SPEb)^2}{SQEa_C + SQEb_C} + \frac{(SPEb)^2}{SQEb_C}$	$s_d^2 + Ks_{eb}^2 + \mathbf{b}^2(SQEa_C) + IKs_{ea}^2$
Trat	L(I-1)	$\sum_{il} \frac{Y_{i..}^2}{JK} - \frac{Y_{....}^2}{IJKL}$	$SQT_y - \frac{(SPT + SPEb)^2}{SQT_C + SQEb_C} + \frac{(SPEb)^2}{SQEb_C}$	$s_d^2 + Ks_{eb}^2 + \mathbf{b}^2(SQT_{i,C}) + JLS_f^2$
Erro(b)	L(I-1)(J-1)	$\sum_{ijkl} Y_{ijkl}^2 - \sum_{ijl} \frac{Y_{ijl}^2}{K} - \sum_{il} \frac{Y_{i..}^2}{JK} + \frac{Y_{....}^2}{IJKL}$	$SQEb_y - \frac{(SPEb + SPd)^2}{SQEb_C + SQd_C} + \frac{(SPd)^2}{SQd_C}$	$s_d^2 + Ks_{eb}^2 + \mathbf{b}^2(SQEb_C)$
Dentro	JLI(K-1)	$\sum_{ijkl} Y_{ijkl}^2 - \sum_{il} \frac{Y_{i..}^2}{JK}$	$SQd_y - \frac{(SPd)^2}{SQd_C}$	$s_d^2 + \mathbf{b}^2(SQd_C)$
Total	JLIK-1	$\sum_{ijkl} Y_{ijkl}^2 - \frac{\bar{Y}_{....}^2}{IJKL}$		

Tabela 5. Esquema da análise de variância e de covariância para dados balanceados em DBFC com mais de uma informação por parcela, com as somas de quadrado (SQ), somas de quadrado ajustados e respectivas esperanças, com e sem ajuste para a covariável. (Continuação)

FV	E(QM)ajustado
Bloco	$s_d^2 + Ks_{eb}^2 \left(1 - \frac{QMEb_c}{SQEb_c + SQd_c} \right) + IKs_{ea}^2 \left(1 - \frac{QMEa_c}{SQEa_c + SQEb_c} \right) + IKLS_b^2 \left(1 - \frac{QMB_c}{SQB_c + SQEa_c} \right)$
Pop	$s_d^2 + Ks_{eb}^2 \left(1 - \frac{QMEb_c}{SQEb_c + SQd_c} \right) + LKs_{ea}^2 \left(1 - \frac{QMEa_c}{SQEa_c + SQEb_c} \right) + JKs_f^2 \left(1 - \frac{QMTrat(pop)_c}{SQTrat(pop)_c + SQEb_c} \right) + IJKs_p^2 \left(1 - \frac{QMP_c}{SQP_c + SQEa_c} \right)$
Erro(a)	$s_d^2 + Ks_{eb}^2 \left(1 - \frac{QMEb_c}{SQEb_c + SQd_c} \right) + IKs_{ea}^2 \left(1 - \frac{QMEa_c}{SQEa_c + SQEb_c} \right)$
Trat	$s_d^2 + Ks_{eb}^2 \left(1 - \frac{QMEb_c}{SQEb_c + SQd_c} \right) + JKs_f^2 \left(1 - \frac{QMTrat(pop)_c}{SQTrat(pop)_c + SQEb_c} \right)$
Erro(b)	$s_d^2 + Ks_{eb}^2 \left(1 - \frac{QMEb_c}{SQEb_c + SQd_c} \right)$
Dentro	s_d^2

Para a variável resposta (Y): $\bar{Y}_{i..l}, \bar{Y}_{.j..}, \bar{Y}_{....}$ e $\bar{Y}_{ij.l}$ = total da progênie i dentro da procedência l, do bloco j, geral e da parcela ij na procedência l. SQB, SQP, SQT, SQEa, SQEb, SQd, SQTotal= soma de quadrados de blocos, procedências, progênies, erro “a”, erro “b”, dentro de parcela e total para a variável resposta (Y) e a covariável (C), respectivamente. SP são as somas de produtos e QM os quadrados médios, apresentados com a mesma indexação.

O método dos momentos forneceu as seguintes estimativas das componentes da variância a partir dos quadrados médios. Pelo exposto aqui está sendo inicialmente ignorado o efeito da covariável. Tais estimativas, designadas por “ σ^2 ”, no entanto conterão viés devido à regressão se o efeito da covariável existir, como pode ser visto.

Para o modelo (5) obteve-se:

$$''\hat{\mathbf{s}}_e^2'' = QME = \hat{\mathbf{s}}_e^2 + \hat{\mathbf{b}}^2(SQE_C)$$

$$''\hat{\mathbf{s}}_f^2'' = \frac{QMT - QME}{J} = \hat{\mathbf{s}}_f^2 + \frac{\hat{\mathbf{b}}^2(SQT_C - SQE_C)}{J}$$

$$''\hat{\mathbf{s}}_b^2'' = \frac{QMB - QME}{I} = \hat{\mathbf{s}}_b^2 + \frac{\hat{\mathbf{b}}^2(SQB_C - SQE_C)}{I}$$

Para o modelo (2) têm-se:

$$''\hat{\mathbf{s}}_d^2'' = QMd = \hat{\mathbf{s}}_d^2 + \hat{\mathbf{b}}^2(SQd_C)$$

$$''\hat{\mathbf{s}}_e^2'' = \frac{QME - QMd}{K} = \hat{\mathbf{s}}_e^2 + \frac{\hat{\mathbf{b}}^2(SQE_C)}{K}$$

$$''\hat{\mathbf{s}}_f^2'' = \frac{QMT - QME}{JK} = \hat{\mathbf{s}}_f^2 + \frac{\hat{\mathbf{b}}^2(SQT_C - SQE_C)}{JK}$$

$$''\hat{\mathbf{s}}_b^2'' = \frac{QMB - QME}{IK} = \hat{\mathbf{s}}_b^2 + \frac{\hat{\mathbf{b}}^2(SQB_C - SQE_C)}{IK}$$

E analogamente para o modelo (6).

Dessa forma é fácil notar que cada estimativa contém um adicional devido à covariável. Observando o viés gerado pela não utilização da variável auxiliar, pode-se inferir também os efeitos gerados nas estimativas de outros parâmetros genéticos, tais

como a herdabilidade. Tomando-se como exemplo o DBC, no modelo (5), a herdabilidade pode ser medida por:

$$\hat{h}^2 = \frac{\hat{s}_f^2}{\hat{s}_f^2 + \hat{s}_e^2}$$

em que:

s_f^2 = variância genética entre progênies e s_e^2 = variância do erro.

No entanto, este coeficiente, se estimado com base nas estimativas " \hat{s}_f^2 " e " \hat{s}_e^2 ", em que se ignora a covariável, também será viesado, ou seja:

$${}''\hat{h}^2'' = \frac{\hat{s}_f^2 + \frac{\hat{b}^2(SQT_c - SQE_c)}{J}}{\hat{s}_f^2 + \hat{s}_e^2 + \frac{\hat{b}^2}{J}[SQT_c + (J-1)SQE_c]}$$

Neste caso específico de h^2 o viés poderá ser tanto para mais como para menos, dependendo da grandeza relativa das somas de quadrados SQT_c e SQE_c e do coeficiente b . Percebe-se claramente que um viés estará presente em todas as estimativas de parâmetros que forem função das componentes da variância sempre que a regressão for não nula.

Fazendo-se uso das estimativas viesadas obtidas pelo modelo (2), em DBC com mais de uma planta por parcela, os ponderadores do índice multi-efeito ficam:

$${}''b_1'' = {}''\hat{h}_d^2'' = \frac{4(1-r) \left(\hat{s}_f^2 + \frac{\hat{b}^2(SQT_c - SQE_c)}{nb} \right)}{\hat{s}_d^2 + \hat{b}^2(SQd_c)}$$

$${}''b_2'' = {}''\hat{h}_f'' = \frac{4\left(\frac{1+(nb-1)r}{nb}\right)\left(\hat{s}_f^2 + \frac{\hat{b}^2(SQT_c - SQE_c)}{nb}\right)}{\hat{s}_f^2 + \frac{\hat{b}^2(SQT_c - SQE_c)}{nb} + \frac{\hat{s}_e^2 + \frac{\hat{b}^2(SQE_c - SQd_c)}{n}}{b} + \frac{\hat{s}_d^2 \hat{b}^2(SQd_c)}{nb}}$$

$$= \frac{4\left(\frac{1+(nb-1)r}{nb}\right)\left(\hat{s}_f^2 + \frac{\hat{b}^2(SQT_c - SQE_c)}{nb}\right)}{\hat{s}_f^2 + \frac{\hat{s}_e^2}{b} + \frac{\hat{s}_d^2}{nb} + \frac{\hat{b}^2(SQT_c)}{nb}}$$

$${}''b_3'' = {}''\hat{h}_p'' = \frac{4\left(\frac{1-r}{n}\right)\left(\hat{s}_f^2 + \frac{\hat{b}^2(SQT_c - SQE_c)}{nb}\right)}{\hat{s}_e^2 + \frac{\hat{b}^2(SQE_c - SQd_c)}{n} + \frac{\hat{s}_d^2 + \hat{b}^2(SQd_c)}{n}}$$

$$= \frac{4\left(\frac{1-r}{n}\right)\left(\hat{s}_f^2 + \frac{\hat{b}^2(SQT_c - SQE_c)}{nb}\right)}{\hat{s}_e^2 + \frac{\hat{s}_d^2}{n} + \frac{\hat{b}^2(SQE_c)}{n}}$$

$${}''b_4'' = {}''\hat{h}_b'' = \frac{4\left(\frac{1-r}{np}\right)\left(\hat{s}_f^2 + \frac{\hat{b}^2(SQT_c - SQE_c)}{nb}\right)}{\hat{s}_b^2 + \frac{\hat{b}^2(SQB_c - SQE_c)}{np} + \frac{\hat{s}_e^2 + \frac{\hat{b}^2(SQE_c - SQd_c)}{n}}{p} + \frac{\hat{s}_d^2 + \hat{b}^2(SQd_c)}{np}}$$

$$= \frac{4\left(\frac{1-r}{np}\right)\left(\hat{s}_f^2 + \frac{\hat{b}^2(SQT_c - SQE_c)}{nb}\right)}{\hat{s}_b^2 + \frac{\hat{s}_e^2}{p} + \frac{\hat{s}_d^2}{np} + \frac{\hat{b}^2(SQB_c)}{np}}$$

Assim sendo, quanto maior a influência da variável auxiliar C sobre a variável resposta Y, maior será o viés gerado pela não inclusão desta no modelo. Tal como foi

verificado com o coeficiente h^2 , estes ponderadores b do índice de seleção também contém viés que depende primordialmente da grandeza do coeficiente de regressão (b) e do valor relativo das somas de quadrado da variável C, referentes às fontes de variação de tratamentos (T), do erro (E) e de blocos (B). Sendo usado para selecionar indivíduos superiores, mas contendo estimativas viesadas dos parâmetros b , esse índice poderá perder a capacidade de identificar os melhores genótipos. Tais erros de identificação terão efeito direto sobre o progresso real com a seleção, o qual ficará aquém do que se poderia esperar do material sob melhoramento. Aliás, resultados de literatura apontam para estimativas do progresso, viesadas para mais, em 45% ou mais (Sampaio, 1996; Leonardecz-Neto, 1998), expectativa esta que acaba não se verificando no ganho real.

Convém ressaltar, conforme já mencionado, que a grandeza do viés depende da magnitude das somas de quadrado da variável C das diferentes fontes de variação, relativamente à soma de quadrado do erro desta. No caso da componente \mathbf{s}_f^2 , por exemplo, na Tabela 3, em DBC e com um só dado por parcela, têm-se pela expressão de " $\hat{\mathbf{s}}_f^2$ ", que o viés é $\hat{V} = \frac{1}{j} \hat{\mathbf{b}}^2 (SQT_c - SQE_c)$. Em termos de esperança matemática, nota-se que $E[SQT_c - SQE_c] = (I-1)[J(\mathbf{s}_{TC}^2 - \mathbf{s}_{EC}^2) + 2\mathbf{s}_{EC}^2]$, em que \mathbf{s}_{TC}^2 e \mathbf{s}_{EC}^2 são as componentes de tratamentos e do erro para a covariável. Assim, mesmo quando não houver significância do teste F de tratamentos, na ANAVA da covariável ($\mathbf{s}_{TC}^2 = 0$), haverá viés. Neste caso específico ($\mathbf{s}_{TC}^2 = 0$), a esperança acima será $(I-1)(2-J)\mathbf{s}_e^2$ que pode ser nulo, positivo ou negativo, dependendo do número de blocos usados (J).

Ao realizar uma análise com covariável, espera-se também que haja modificação em outras estimativas, como no coeficiente de variação (CV), o qual deve ser de magnitude inferior ao da análise sem a covariável, já que esta tem influência sobre a variável resposta. O valor fenotípico observado no indivíduo (Y_{ijk}) e a média de progênes ($\bar{Y}_{i..}$) devem sofrer alterações também, haja vista que cada indivíduo e progênie possuem seu potencial competitivo frente aos demais competidores. Este aspecto pode ser melhor compreendido lançando mão do modelo matemático. Considerando um DBC com mais de uma planta por parcela, é pertinente observar o seguinte. Supondo dois indivíduos de progênes diferentes (ijk e $i'jk'$) no mesmo bloco j , na seleção pelo índice multi-efeitos ocorrerão, entre outros, os contrastes: $Y_{ijk} - Y_{i'jk'}$ e

$\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{i'..}$. Em termos dos efeitos e parâmetros envolvidos resulta que:

$$Y_{ijk} - Y_{i'jk'} = (f_i - f_{i'}) + (e_{ij} - e_{i'j}) + (d_{ijk} - d_{i'jk'}) + \mathbf{b}(C_{ijk} - C_{i'jk'}).$$

Os três primeiros termos são os usuais em testes de progênes e o quarto é consequência da competição. Em caracteres como o aqui considerado, o coeficiente \mathbf{b} é negativo, ou seja, o aumento do nível de competição resulta em redução do valor fenotípico. Assim, supondo que o indivíduo i é geneticamente melhor do que o indivíduo i' ($f_i > f_{i'}$ e/ou $d_{ijk} > d_{i'jk'}$, a última desigualdade admitindo-se como sendo devida à parte genética contida no efeito d), percebe-se que o efeito de competição reduzirá essa superioridade se $C_{ijk} > C_{i'jk'}$ ou a aumentará se $C_{ijk} < C_{i'jk'}$. Este confundimento certamente afeta a seleção dos indivíduos através do índice. O mesmo raciocínio aplica-se ao outro contraste, componente dos índices, pois:

$\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{r..} = (f_i - f_r) + (\bar{e}_{i.} - \bar{e}_{r.}) + (\bar{d}_{i..} - \bar{d}_{r..}) + \mathbf{b}(\bar{C}_{i..} - \bar{C}_{r..})$. Nesta expressão, a interferência da competição decorre da diferença entre o nível médio dos valores de C das duas progênes, ou seja, de $\bar{C}_{i..} - \bar{C}_{r..}$. Se o efeito da competição intergenotípica for um fenômeno aleatório, um contraste deste tipo deverá ser de pequena magnitude, pois uma quantidade do tipo $\bar{C}_{i..}$ é uma média de JK valores. Espera-se, portanto que a influência da competição seja maior na parte da avaliação do valor genético das plantas, que depende dos fenótipos individuais. Outro ponto que fica ressaltado é a importância de verificar a significância relativa a progênes na análise da variância da variável C.

Além disso, espera-se que também ocorra alteração nos valores do teste F na análise de variância, fazendo com que experimentos que não apresentam diferenças significativas entre tratamentos, em uma análise usual, passem a apresentar diferenças, ou então, as diferenças tornam-se mais significativas do que com a análise ignorando-se a covariável. O contrário no entanto, pode também ocorrer, pois a correção via covariável é um ajuste que diminui a dispersão dos dados, assim podendo diminuir a capacidade do teste de identificar diferenças. Quanto às modificações nas estimativas das variâncias e herdabilidades, a expectativa é que haja uma redução na herdabilidade, já que esta estará inflacionada pela competição, e que ocorram também alterações nas estimativas de ganho com a seleção. É importante frisar que todos esses aspectos mencionados podem ser mensurados.

Nos compêndios tradicionais de estatística, é insuficiente a atenção dada a respeito das esperanças matemáticas dos quadrados médios das análises envolvendo covariável; em geral apenas faz-se um comentário de que as estimativas nas análises

que ignoram tal fonte de variação são viesadas, sem mensurá-lo. Quando muito, é mostrada qual a esperança da soma de quadrados de tratamentos ajustado para a covariável (Federer, 1955; Steel & Torrie, 1980; Vencovsky & BARRIGA, 1992). Por isso, procurou-se desenvolver esta linha de investigação, neste trabalho.

Com a introdução da covariável, todas as componentes da variância e parâmetros afins são estimáveis sem o viés devido à competição. No caso da componente \mathbf{s}_f^2 , por exemplo, a estimativa sem viés é $\hat{\mathbf{s}}_f^2 = \hat{\mathbf{s}}_f^2 - \hat{b}^2/J(SQT_c - SQE_c)$. Pode-se, alternativamente, operar diretamente com os valores de QM(ajustado), sendo o fator de correção igual a $\left(1 - \frac{QMT_c}{QMT_c + QME_c}\right)$, para a componente \mathbf{s}_f^2 , conforme pode ser observado na Tabela 3. O mesmo procedimento é aplicável para as outras componentes e os vários esquemas de análise aqui considerados. É evidente que a pressuposição básica assumida é que o efeito da competição sobre as observações é do tipo linear, explicável pela inclusão do termo $\mathbf{b}(C_{ijk} - \bar{C}...)$ no modelo.

Em relação ao que foi posto, convém também reforçar não ser válido considerar as esperanças de QM(ajustado) como se a covariável não existisse. Isso pode ser visto, por exemplo, na E(QMT ajustado) que não é $\mathbf{s}_e^2 + J\mathbf{s}_f^2$, no caso mais simples (Tabela 3).

4.1.2 Análises de variância dos dados experimentais

É preciso enfatizar que, no desenvolvimento desta pesquisa, foram escolhidos experimentos com níveis diferentes de precisão e mortalidade, com a finalidade de verificar como o uso da covariável alteraria as estimativas diante desses aspectos. As Tabelas de 6 a 11 apresentam os principais resultados iniciais.

O coeficiente de variação do erro de parcelas (CV_e) variou na faixa dos 20% até o máximo de 45% (Tabela 11), se a covariável for desconsiderada. Introduzindo esta última notou-se ligeira redução do coeficiente CV_e , em termos gerais. Após a correção dos dados para os efeitos da competição houve também ligeira redução na variação fenotípica dentro das parcelas, conforme indicam os valores de CV_d .

Com relação à variação genética do DAP entre progênies o ajuste para a covariável em geral reduziu o nível de significância do teste F desta fonte de variação. Isso indica que, antes do ajuste, parte das diferenças no DAP entre as progênies era devida a uma variação na capacidade de competição das plantas. Nem todos os testes de progênie tiveram precisão suficiente para detectar significância de F para progênies. De fato, com CV_e alto, nem mesmo a análise de covariância corrigiu esta deficiência na precisão experimental dos experimentos.

Pela análise da variância da variável de competição, notou-se que, em nenhum caso houve significância do teste F relativo a progênies. Pode-se concluir daí não ter sido possível detectar uma variação genética significativa entre progênies, quanto à capacidade de competição delas. Outra conclusão, no caso, é que a maior parte da variação nos níveis de competição sofridas pelas plantas é primordialmente aleatória,

reforçando a necessidade e adequação de uma correção dos dados para a covariável considerada.

O efeito da competição, medido pelo coeficiente \mathbf{b} (Tabela 11), foi significativo em todos os experimentos (Tabelas 6 a 10) indicando a importância deste fenômeno, na avaliação de progênie e na seleção praticada subsequentemente. Os valores de $\hat{\mathbf{b}}$ foram todos negativos, variando de $-1,354$ a $-5,925$ (Tabela 11) o que indica uma redução no DAP à medida que a competição intergenotípica aumenta em ensaios como os aqui avaliados. Também não foi detectada nenhuma relação entre o coeficiente \mathbf{b} e a mortalidade (Tabela 11), já que estes valores variaram de forma independente.

Os valores de competição estimados para uma condição hipotética C_{ijk}^* , ficaram próximos dos valores de $\bar{C}...$ (Tabela 11), nos casos em que a mortalidade ficou na faixa dos 30%. No entanto, no caso de *E. grandis* e *E. citriodora*, que tiveram mortalidades maiores, houve uma diferença bastante grande entre esses valores. Isso deve-se ao fato de que, ao se estimar a competição de uma dada planta, e esta não tendo um potencial competidor, sua estimativa fica abaixo do valor C_{ijk}^* , indicando um favorecimento.

É interessante investigar a grandeza relativa dos componentes da variação do DAP. A componente entre progênies (\mathbf{s}_f^2) que é inteiramente genética e de maior importância, foi reduzida após o ajuste, com exceção de *E. citriodora*. Isso corrobora o que foi mencionado anteriormente. O correspondente coeficiente de herdabilidade (h_f^2)

Tabela 6. Análise da variância dos dados de *G. gorarema* (DAP), sem e com ajuste para a covariável C e análise desta última.

FV	GL	SQ	QM	F	P>F
Análise sem ajuste					
Blocos	5	516,30	103,26	4,75	0,0004
Progênes	57	1288,26	22,60	1,04	0,4085
Erro	285	6200,92	21,76	5,67	<0,0001
Dentro	1300	4990,87	3,84		
Total	1647	(12945,84)			
Análise com ajuste					
Blocos	5	365,78	73,16	4,03	0,0015
Progênes	57	815,32	14,30	0,79	0,8613
Erro	285	5177,30	18,17	11,03	<0,0001
Compet	1	2852,27	2852,27	1732,49	<0,0001
Dentro	1299	2138,60	1,65		
Total	1647	(12945,84)			
Análise da variável C					
Blocos	5	20,18	4,04	4,24	0,0010
Progênes	57	70,87	1,24	1,31	0,0830
Erro	285	271,20	0,95	0,95	0,7164
Dentro	1300	1307,13	1,01		
Total	1647	(1664,94)			

alias, baixou de 0,575 para 0,456 em *G. gorarema* e de 0,716 para 0,383, em *P. elliottii*, para citar apenas casos extremos.

Apesar de se ter verificado uma redução da variação fenotípica dentro de progênes, não se observou consistente aumento da herdabilidade (h_d^2) neste nível de estratificação. Deveu-se isso à grandeza das estimativas da variância genética aditiva, que não se alterou de forma proporcional.

Tabela 7. Análise da variância dos dados de *E. grandis* (DAP), sem e com ajuste para a covariável C e análise desta última.

FV	GL	SQ	QM	F	P>F
Análise sem ajuste					
Blocos	2	493,56	246,78	5,72	0,0050
Progênies	35	2375,37	67,87	1,97	0,0541
Erro	70	3019,23	43,13	1,22	0,1224
Dentro	402	14186,31	35,29		
Total	509	(20006,78)			
Análise com ajuste					
Blocos	2	217,40	108,70	2,95	0,0590
Progênies	35	1662,06	47,49	1,29	0,1854
Erro	70	2582,02	36,89	1,36	0,0381
Compet	1	3297,91	3297,91	121,46	<0,0001
Dentro	401	10888,40	27,15		
Total	509	(20006,78)			
Análise da variável C					
Blocos	2	2,89	1,45	3,48	0,0361
Progênies	35	11,88	0,34	0,82	0,7396
Erro	70	29,05	0,41	1,78	0,0004
Dentro	402	93,93	0,23		
Total	509	(139,67)			

De qualquer forma, essas alterações levam sem dúvida a estimativas diferentes do progresso esperado, conforme será visto em seqüência. Esse viés, naturalmente, também afetará o julgamento e seleção das árvores superiores.

Tabela 8. Análise da variância dos dados de *E. citriodora* (DAP), sem e com ajuste para a covariável C e análise desta última.

FV	GL	SQ	QM	F	P>F
Análise sem ajuste					
Blocos	3	56,07	18,69	1,24	0,2969
Progênies	55	691,60	12,57	0,84	0,7753
Erro	151	2271,47	15,04	0,99	0,5096
Dentro	322	4871,47	15,13		
Total	531	(7816,63)			
Análise com ajuste					
Blocos	3	51,68	17,23	1,05	0,3745
Progênies	55	925,41	16,83	1,02	0,4496
Erro	151	2489,03	16,48	1,51	0,0013
Compet	1	1357,50	1357,50	124,01	<0,0001
Dentro	321	3513,97	10,95		
Total	531	(7816,63)			
Análise da variável C					
Blocos	3	0,16	0,05	0,11	0,9558
Progênies	55	25,09	0,45	0,93	0,6156
Erro	151	74,15	0,49	1,58	0,0004
Dentro	322	99,89	0,31		
Total	531	(207,44)			

Tabela 9. Análise da variância dos dados de *P. elliottii* (DAP), sem e com ajuste para a covariável C e análise desta última.

FV	GL	SQ	QM	F	P>F
Análise sem ajuste					
Blocos	4	41,55	10,39	0,60	0,6628
Progênies	31	1606,33	51,82	3,00	<0,0001
Erro	122	2109,77	17,29	1,15	0,1573
Dentro	411	6171,97	15,02		
Total	568	(10130,43)			
Análise com ajuste					
Blocos	4	292,09	73,02	5,26	0,0006
Progênies	31	624,90	20,16	1,45	0,0797
Erro	122	1694,94	13,89	2,60	<0,0001
Compet	1	3983,46	3983,46	746,27	<0,0001
Dentro	410	2188,51	5,34		
Total	568	(10130,43)			
Análise da variável C					
Blocos	4	5,12	1,28	1,83	0,1281
Progênies	31	29,01	0,94	1,33	0,1366
Erro	122	85,55	0,70	2,30	<0,0001
Dentro	411	125,09	0,30		
Total	568	(246,40)			

Tabela 10. Análise da variância dos dados de *A. angustifolia* (DAP), sem e com ajuste para a covariável C e análise desta última.

FV	GL	SQ	QM	F	P>F
Análise sem ajuste					
Blocos	2	180,29	90,14	4,43	0,0133
Populações	14	893,22	63,80	3,13	0,0002
Erro (a)	25	1998,50	79,94	3,93	<0,0001
Progênies	108	2983,77	27,63	1,36	0,0361
Erro (b)	177	3602,97	20,36	2,32	<0,0001
Dentro	2592	22784,62	8,79		
Total	2918	(32516,35)			
Análise com ajuste					
Blocos	2	72,12	36,06	2,77	0,0654
Populações	14	670,89	47,92	3,68	<0,0001
Erro (a)	25	1885,25	75,41	5,79	<0,0001
Progênies	108	1826,94	16,92	1,30	0,0614
Erro (b)	177	2303,74	13,02	2,88	<0,0001
Compet	1	11089,69	11089,69	2456,91	<0,0001
Dentro	2591	11694,93	4,51		
Total	2918	(32516,35)			
Análise da variável C					
Blocos	2	13,57	6,78	1,97	0,1420
Populações	14	47,96	3,43	1,00	0,4589
Erro (a)	25	76,01	3,04	0,88	0,6265
Progênies	108	404,20	3,74	1,09	0,3060
Erro (b)	177	608,42	3,44	1,47	<0,0001
Dentro	2592	6044,99	2,33		
Total	2918	(7143,64)			

Tabela 11. Estimativas das componentes de variância e parâmetros afins sem e com ajuste dos dados para os efeitos da competição. Dados de DAP das cinco espécies avaliadas.

	<i>G. gorarema</i>		<i>E. grandis</i>		<i>E. citriodora</i>		<i>P. elliotii</i>		<i>A. angustifolia</i>	
	Y aval.	Y ajust.	Y aval.	Y ajust.	Y aval.	Y ajust.	Y aval.	Y ajust.	Y aval.	Y ajust.
\hat{S}_d^2	3,8391	1,6463	35,2893	27,1531	15,1287	10,9469	15,0169	5,3378	8,7903	4,5137
\hat{S}_e^2	3,7932	3,4994	1,7311	2,1554	-0,0322	2,3051	0,6387	2,4091	1,3068	0,9611
\hat{S}_b^2	0,3026	0,2048	1,4142	0,5064	0,0351	0,0071	-0,0690	0,5785	0,0127	-0,0489
\hat{S}_{ea}^2	—	—	—	—	—	—	—	—	0,9086	0,9521
\hat{S}_f^2	0,6695	0,4521	1,9039	0,8187	-0,3023	0,0421	2,0512	0,3745	0,3126	0,1678
\hat{S}_{pop}^2	—	—	—	—	—	—	—	—	0,0043	0,0036
\hat{S}_A^2	2,6781	1,8084	7,6158	3,2751	-1,2095	0,1683	8,2048	1,4981	1,2506	0,6713
\hat{S}_{AE}^2	—	—	—	—	—	—	—	—	0,0043	0,0036
\hat{S}_{AD}^2	—	—	—	—	—	—	—	—	1,2464	0,6676
\hat{h}_d^2	0,5232	0,8238	0,1618	0,0904	—	0,0115	0,4987	0,2105	0,1063	0,1109
\hat{h}_f^2	0,5151	0,4562	0,5726	0,3687	—	0,0440	0,7165	0,3834	0,4921	0,2888
\hat{h}_p^2	0,0880	0,0708	0,1086	0,0504	—	0,0051	0,3502	0,0750	0,0428	0,0355
\hat{h}_b^2	0,1816	0,0172	0,0101	0,0106	—	0,0046	0,3502	0,0126	—	—
\hat{h}_{pb}^2	—	—	—	—	—	—	—	—	$2,8 \times 10^{-6}$	$2,3 \times 10^{-6}$
\hat{h}_{pop}^2	—	—	—	—	—	—	—	—	0,0223	0,0143
$r_{i,a}$	0,3363	0,5138	0,1335	0,0717	-0,0284	0,0089	0,5779	0,3742	0,4428	0,2853
β		-1,477		-1,354		-5,643		-5,925		-3,686
p>t		<0,0001		<0,0001		<0,0001		<0,0001		<0,0001
C_1		2,276		2,276		2,776		2,276		2,776
C_2		2,778		1,080		1,115		2,071		2,813
p>F		>0,38		<0,0001		<0,0001		<0,0001		0,0001
\hat{t}		31,1		52,8		60,4		38,9		30,9
CV_e	45,2	41,2	44,3	35,4	22,0	19,7	24,2	22,3	21,0	22,0
CV_d	18,9	12,4	29,1	20,9	20,5	12,2	21,8	19,1	21,8	17,9

$r_{i,a}$ = acurácia seletiva; $C_1 = \overline{C \dots}$; $C_2 = \overline{C \dots}$; \hat{t} = mortalidade (%); demais itens descritos no texto

A Tabela 12 mostra resumo de estimativas e dados relativos à seleção de árvores, em cada espécie, baseados no índice multi-efeitos com e sem ajuste das observações para os efeitos da competição. Os resultados, naturalmente variam de uma espécie para outra, mas algumas tendências podem ser apontadas. Percebe-se, por exemplo, que entre árvores selecionadas pelos dois processos não houve coincidência total. Esta variou de 45,8% em *G. gorarema* até 75,2% em *E. grandis*, o que equivale a dizer que 54,2% até 24,8% dos genótipos selecionados não foram os mesmos, nestes dois casos extremos. É importante observar que tais diferenças decorreram apenas pelo fato de se ter, ou não, corrigido os dados para os efeitos da competição.

Outra consequência importante da correção dos dados, também observável na Tabela 12, é a redução nas estimativas do progresso esperado com a seleção (com exceção de *G. gorarema*). Nas espécies *E. grandis*, *P. elliotii* e *A. angustifolia* as diferenças entre os valores de Gs% foram bastante acentuados. Considerando tais resultados a tendência é acreditar que os valores de Gs% sem o ajuste, são superestimados, por efeitos mascaradores da competição. É preciso lembrar que as condições de competição das árvores investigadas são particulares e específicas destes testes de progênie. Imaginando uma avaliação destes materiais, após completado o ciclo de seleção, estas condições não se repetirão o que, por si só, já justifica acreditar mais na estimativas de Gs% após a correção dos dados do que no respectivo valor estimado sem o ajuste.

Como mostrado na tabela12, dentro de cada espécie, o número de indivíduos selecionados (N) foi mantido igual. O tamanho efetivo resultante (N_e) foi bastante semelhante, com excessão de *A. angustifolia*, em que o ajuste produziu um N_e 41,6%

maior do que sem ajuste. É positivo o fato de que em nenhum caso o ajuste provocou redução no valor de N_e , ao contrário. As diferenças nas percentagens de seleção entre as espécies são consequência da natureza genética dos materiais investigados. As espécies *E. grandis* e *P. elliottii* passaram já por etapas anteriores de melhoramento, o que deve ter aumentado a uniformidade genética dentro das progênes. Assim, porcentagens maiores de seleção são necessárias para atingir N_e na faixa escolhida e recomendada (de 30 a 60), em comparação com as duas outras espécies. Estas últimas, não tendo sido melhoradas, permitiram percentagens seletivas menores certamente porque as árvores selecionadas provêm de um maior número de progênes.

Os intervalos de confiança IC% (tabela 12) todos não incluíram o valor zero, o que indica confiança de ganho real pela seleção. Tal resultado, no entanto, de certo modo conflita com os resultados das análises de variância de DAP, em que não foi possível detectar significância do teste F, relativo à fonte de variação de progênes. Esse tipo de conflito precisa ser melhor investigado, mas isso não é incomum em testes estatísticos baseados em critérios diferentes de mensurar os erros experimentais das estimativas.

As figuras de 1 a 4 ilustram os valores genéticos (VG) das árvores, estimados com e sem o ajuste dos dados. Como cada ponto refere-se a um indivíduo, percebe-se nos gráficos de regressão a menor coincidência dos valores nas espécies *A. angustifolia* e *G. gorarema* e uma coincidência maior nas outras duas. Um aspecto peculiar destas figuras de regressão é que a falta de concordância entre os valores genéticos é mais pronunciada nos diâmetros (DAP) menores do que nos maiores. Como a seleção visa DAP's de maior valor, tais resultados sugerem que os erros de avaliação ocorreram

mais fortemente nos indivíduos de menor valor genético. A espécie *E. citriodora* não foi incluída na tabela 12 e nas figuras porque as estimativas dos componentes de variância pertinentes eram valores negativos.

Tabela 12. Dados e estimativas de parâmetros relacionados com a seleção de árvores baseada em índices multi-efeitos, sem e com ajuste para a covariável competição.

	<i>G. gorarema</i>		<i>E. grandis</i>		<i>P. elliotii</i>		<i>A. angustifolia</i>	
	c/ ajuste	s/ ajuste	c/ ajuste	s/ ajuste	c/ ajuste	s/ ajuste	c/ ajuste	s/ ajuste
% sel.	2,9		23,7		9,7		2,3	
N	48	48	121	121	55	55	68	68
N _e	35,4	39,8	38,1	35,4	35,5	37,0	35,3	50,0
Coinc.		45,8		75,2		74,5		63,2
m	10,32	10,32	27,18	27,18	18,87	18,87	10,17	10,17
G _s %	2,61	4,17	12,03	3,84	29,13	5,62	68,82	8,85
IC%	1,90/3,32	3,50/4,47	11,26/12,86	1,82/5,85	28,62/29,63	4,35/6,88	75,54/62,10	11,25/5,35

% sel. e N: % e número de indivíduos selecionados; N_e: tamanho efetivo relativo a N; Coinc: coincidência entre indivíduos selecionados com e sem ajuste (%); m: média geral do DAP (cm) no ensaio; G_s %: progresso genético esperado em % de m e IC%: intervalo de confiança de G_s %.

Tabela 13. Ordenamento das árvores selecionadas pelo valor genético (VG) via análise sem e com ajuste, para efeito da competição em *G. gorarema*. DAP.

Bloco	Progênie	Árvore	VG s/ajuste	Bloco	Progênie	árvore	VG c/ajuste
6	01	4	13,158	1	24	2	20,677
6	14	1	13,122	4	37	4	11,394
3	14	5	13,110	2	02	5	11,309
4	42	1	12,973	4	48	3	11,102
4	51	3	12,938	6	21	1	11,079
4	04	1	12,920	3	03	3	11,065
6	21	1	12,867	1	64	1	10,851
6	65	2	12,839	1	41	2	10,802
1	08	4	12,808	4	42	5	10,784
3	03	3	12,791	3	14	5	10,752
6	52	5	12,758	1	13	1	10,741
3	31	2	12,736	1	58	5	10,737
4	06	3	12,725	4	04	1	10,714
4	42	5	12,711	4	53	1	10,713
4	51	2	12,677	4	42	1	10,695
5	36	4	12,610	4	50	2	10,665
6	51	5	12,603	1	08	4	10,654
2	63	3	12,588	6	65	2	10,639
4	48	3	12,587	4	51	3	10,633
3	14	1	12,587	3	62	1	10,598
5	08	3	12,576	5	28	4	10,581
4	50	2	12,567	1	60	4	10,573
1	04	3	12,555	2	64	2	10,534
4	53	1	12,551	1	58	3	10,460
5	03	5	12,532	1	58	4	10,460
2	64	2	12,512	2	63	3	10,434
5	29	4	12,512	3	04	3	10,433
6	52	4	12,496	3	17	5	10,426
1	58	5	12,482	6	14	1	10,408
1	65	5	12,464	3	31	2	10,369
5	52	3	12,453	6	13	1	10,357
5	28	4	12,437	6	01	4	10,346
3	17	5	12,423	5	36	4	10,329
5	31	2	12,415	6	11	5	10,320
5	31	5	12,415	2	08	1	10,301
3	05	5	12,412	1	49	5	10,294
5	60	4	12,399	5	21	5	10,292
2	58	4	12,391	3	42	5	10,287
3	52	2	12,380	1	52	1	10,272
6	59	5	12,374	6	10	1	10,256
6	11	5	12,372	6	41	4	10,248
1	07	5	12,370	5	16	2	10,231
1	60	4	12,367	4	59	3	10,227
6	04	2	12,367	1	12	1	10,206
1	49	2	12,366	2	51	4	10,197
5	18	3	12,365	6	50	2	10,196
5	18	5	12,365	6	49	3	10,190
5	57	3	12,362	4	54	2	10,184

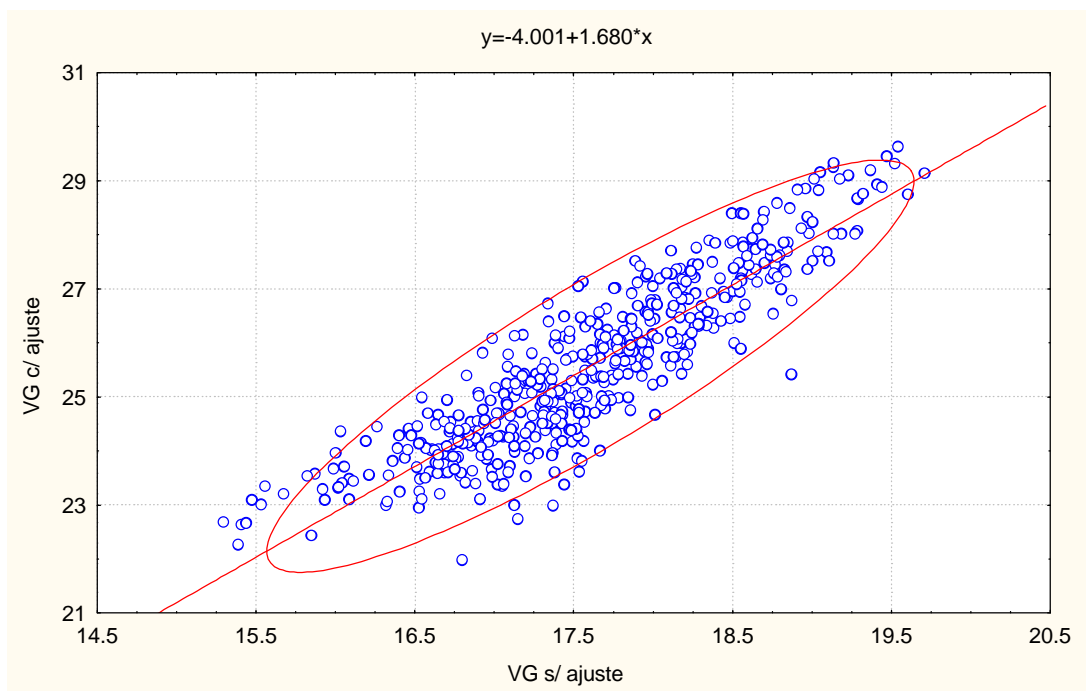


Gráfico 1 - Relação entre valor genético ajustado e valor genético avaliado em *E. grandis*.

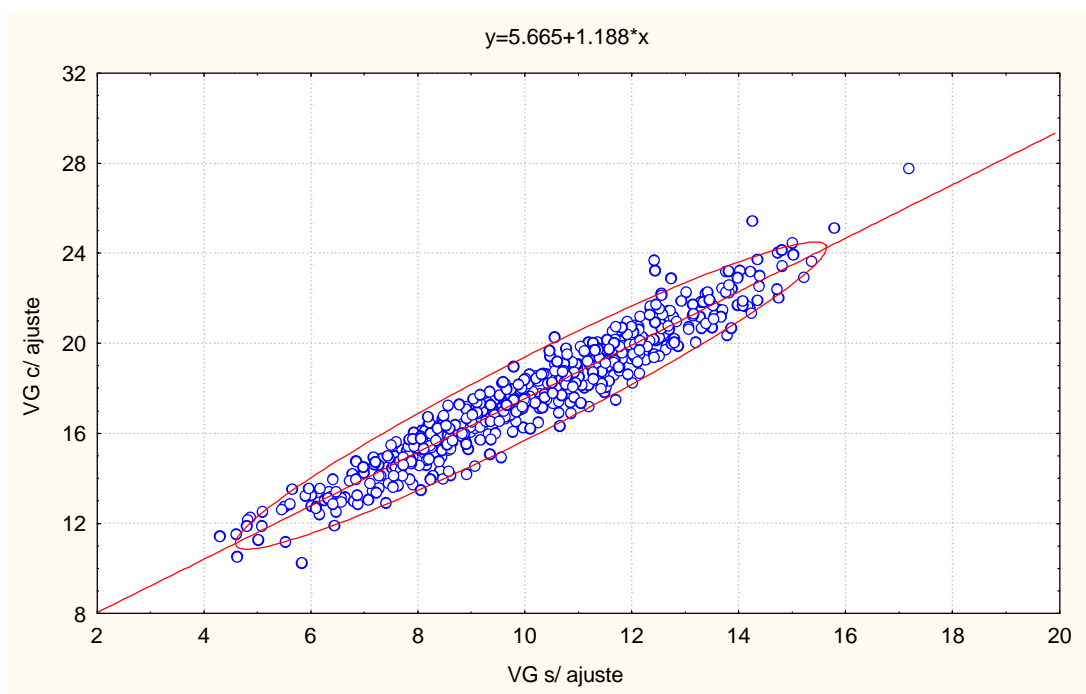


Gráfico 2 - Relação entre valor genético ajustado e valor genético avaliado em *P. elliottii*.

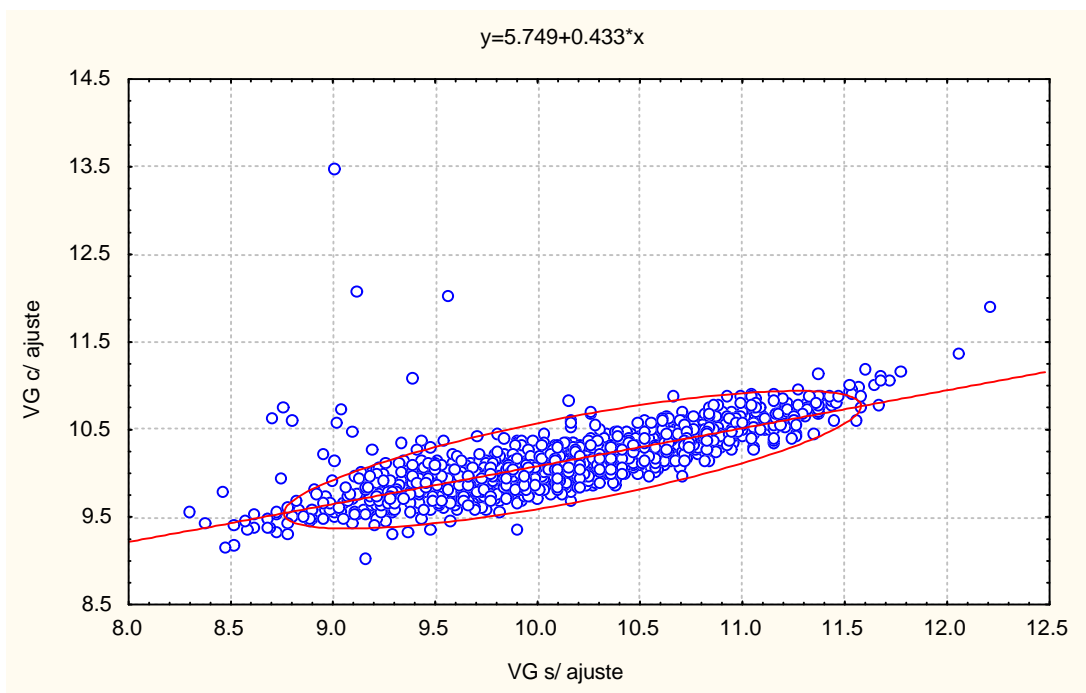


Gráfico 3 - Relação entre valor genético ajustado e valor genético avaliado em *A. angustifolia*.

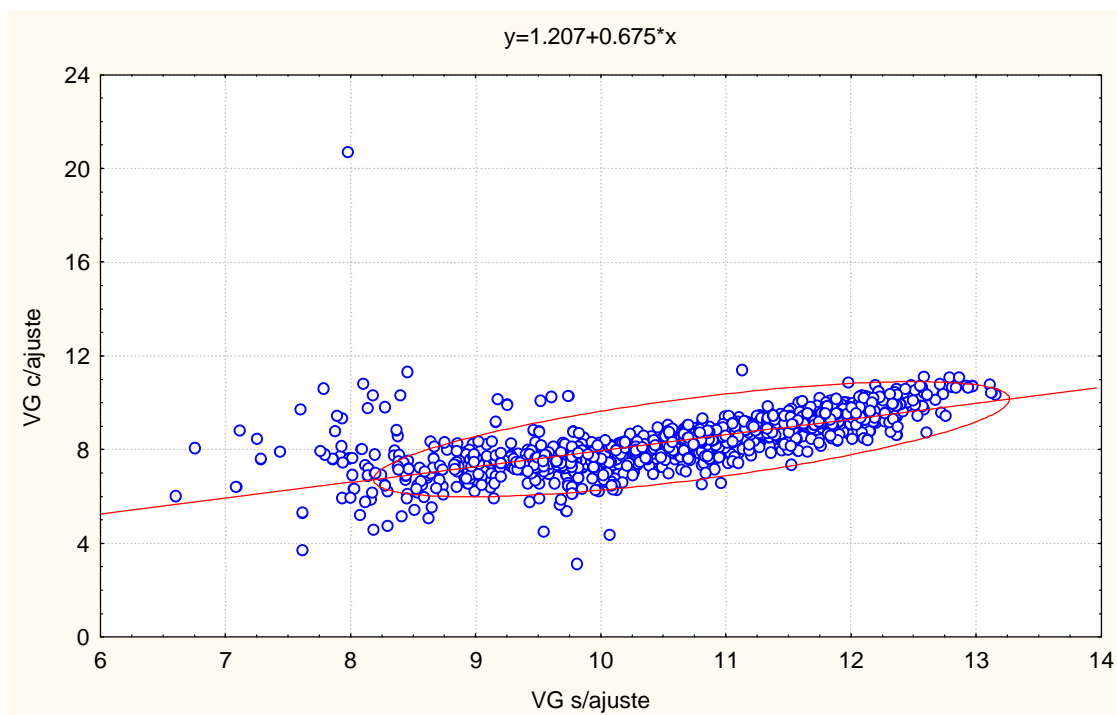


Gráfico 4 - Relação entre valor genético ajustado e valor genético avaliado em *G. gorarema*.

5 CONCLUSÕES

Há viés nas estimativas das componentes de variância e parâmetros afins, caso ignore-se uma covariável de competição que afete a variável resposta. Este viés está diretamente relacionado com a magnitude do coeficiente b e com a grandeza relativa das somas de quadrados da variável auxiliar;

A inclusão da competição nas análises, reduziu a maiorias das estimativas dos parâmetros quantitativos estudados, levando especialmente a uma expectativa de menor ganho genético se comparado à análise usual

O posto dos indivíduos selecionados via análise com covariável é distinto dos selecionados via análise sem este critério. A concordância entre os selecionados pelas diferentes abordagens, foi de mediana a baixa. Isso indica que diferentes grupos de genótipos seriam selecionados utilizando-se um ou outro processo de análise dos dados experimentais;

O efeito da competição foi detectado em todos os ensaios, mas sua variação foi principalmente de natureza aleatória. Dessa forma, não foi necessário considerar a variável de competição como um componente do potencial genético das árvores;

É prática recomendável incluir a variável de competição na análise biométrica de ensaios com essências florestais em que os indivíduos são condicionados a competir uns com os outros, no seu desenvolvimento.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASSMAN, E. **The principles of forest yield study: studies in the organic production, structure increment and yield of forest stands.** Oxford: Pergamon Press, 1970. 450p.

BARTLETT, M. S. Nearest neighbor models in the analysis of field experiments. **Journal Royal Statistical Society (B)**, v.40, p.147-174, 1978.

BESAG, J. Spatial interaction and the statistical analysis of lattice systems. **Journal Royal Statistical Society (B)**, v.36, p.192-237, 1974.

BESAG, J.; KEMPTON, R. Statistical analysis of field experiments using neighbouring plots. **Biometrics**, v.42, p.231-251, 1986.

BIRCH, L. H. The messing of competition. **American Naturalist**, v.98, p.5-18, 1957.

CORREL, R. L.; ANDERSON, R. B. Removal of intervarietal competition effects in forestry varietal trials. **Silvae Genetica**, v.32, p.162-165, 1983.

DANIELS, R. F. Simple competition indices and their correlation with annual Loblolly pine tree growth. **Forestry Science**, v.22, p.454-456, 1976.

DRAPER, N. R.; GUTTMAN, I. Incorporating overlap effects from neighbouring units into surface models. **Journal Royal Statistical Society (C)**, v.29, p.128-134, 1980.

- DUARTE, J. B. Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal. Piracicaba, 2000. 293p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- EDWARDS, M. D. The design, layout and control of provenance experiments. **Silvae Genetica**, n.5, p.169-180, 1956.
- EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v.6, p.36–40, 1966.
- FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetic**. London: Harlow-Longman, 1989. 436p.
- FEDERER, W. T. **Experimental design: theory and application**. New York: The Mamillan Company, 1955. 596p.
- FRANKLIN, E. C. Model relating levels of genetic variance to stand development of four American conifers. **Silvae Genetica**, v.28, p.207-212, 1979.
- FREEMAN, S. H. Some two-dimensional designs balanced for nearest neighbours. **Journal Royal Statistical Society (B)**, v.41, p.88-95, 1979.
- FRIES, A. Spacing interaction with genotype and with and quality traits in a trail of seedling and grafted clones of Scot pine (*Pinus sylvestris*, L.). **Silvae Genetica**, v.33, p.145-152, 1984.
- GOMES, K. A. Border effects in rice experimental plots. II. Varietal competition. **Experimental Agriculture**, v.8, p.295-298, 1972.

- GREEN, P.; JENNISON, C.; SEHEULT, A. Analysis of field experiments by least squares smoothing. **Journal Royal Statistical Society (B)**, v.47, p.299-315, 1985.
- HAMILTON, G. J. The dependence of volume increment of individual trees on dominance, crown dimensions, and competition. **Forestry**, v.42, p.133-144, 1969.
- HATCH, C. R.; GERRARD, D. J.; TAPPEINER, J. C. II. Exposed crown surface area: A mathematical index of individual tree growth potential. **Canadian Journal of Forestry Research**, v.5, p.224-228, 1975.
- HEGYI, F. A simulation model for managing jack pine stands. In FRIES, J. (Ed.) **Growth models for tree and stand simulation**. Stockholm: Department Forest Yield Research. 1974. p.74-85.
- HENDERSON, C. R. Selection index and expected genetic advance. In: HANSON, W. D.; ROBSON, H. F. (Ed.) **Statistical advanced and plant breeding**. Washington: NAS-NCR, 1963. p.141-163.
- HÜHN, M. Populationsgenetische Untersuchungen zur phänotypischen Selektion in Pflanzenbeständen mit Konkurrenz. **Silvae Genetica**, v.22, p.72-145, 1973.
- HÜHN, M. Über den Einfluß der Konkurrenz auf die Aussagefähigkeit forstlicher und landwirtschaftlicher Versuche: Experimentelle Ergebnisse aus einer Feldversuchsserie mit Fichtenkreuzen. **Silvae Genetica**, v.23, p.74-94, 1974.
- KAGEYAMA, P. Y. Variação genética entre procedências de *P. oocarpa* (Shield) na região de Agudos-SP. Piracicaba. 1977. 54p. Dissertação (Mestrado). Escola Superior de Agricultura "Luis de Queiroz", Universidade de São Paulo,

- KEMPTON, R. A. Adjustment for competition between varieties in plant breeding trials. **Journal Agricultural Science**, v.98, p.599-611, 1982.
- KEMPTON, R. A.; LOCKWOOD, G. Interplot competition in variety trials of field beans (*Vicia faba* L.) **Journal of Agricultural of Science**, v.103, p.293-301, 1984.
- KEMPTON, R. A.; HOWES, C. W. The use of neighbouring plot values in the analysis of variety trials. **Journal Royal Statistical Society (B)**, v.30, p.59-70, 1981.
- KEMPTON, R. A.; FOX, P. N. **Statistical methods for plant variety evaluation**. London: Chapman & Hall. 1997. 194p.
- LAMBERTH, C. C.; GLADSTONE, W. I. Statistical efficiency of row and non-contiguous family plots in genetic test of Loblolly pine. **Silvae Genetica**, v.32, p.24-28, 1983.
- LEONARDECZ-NETO, E. Variação genética e métodos de seleção em progênies Sul-Africanas de *Pinus patula* (Shiede & Deppe). Curitiba, 1988. 71p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Paraná.
- LEONARDECZ-NETO, E.; GAIOTTO, F. A.; BIERWAGEN, R.; ROSSMANN, H. Melhoramento de espécies perenes. Apresentado ao CPG em Genética e Melhoramento de Plantas. Piracicaba, 1999/
- LIBBY, W. J.; COCKERHAN, C. C. Random non-contiguous plots in interlocking field layouts. **Silvae Genetica**, v.29, p.183-190, 1980.
- LUSH, J. L. Family merit and individual merits as basis for selection. **American Naturalist**, v.80, p 318-342, 1947.

- MAGNUSSEN, S.; YEATMAN, C. W. Adjusting for inter-row competition in Jack pine provenance trial. **Silvae Genetica**, v.36, n.(5/6), p 206-214, 1987.
- MAGNUSSEN, S. Bias in genetic variance due to spatial autocorrelation. **Theoretical Applied Genetic**, v.86, p.374-377, 1993.
- MAGNUSSEN, S. A method to adjust simultaneously for spatial microsite and competition effects. **Canadian Journal Forestry Research**, v.24, p.985-995, 1994.
- MARTIN, G. L.; EK, A. R. A comparison of competition measures and height growth. **Forestry Science**, v.30, p.731-743, 1984.
- MATHESON, A. C; RAYMOND, C. A. Effects of thinning in progeny tests on estimates of genetic parameters in *Pinus radiata*. **Silvae Genetica**, v.33, p.125-128, 1983.
- MORI, E. S. Efeitos da competição intra-específica na seleção de árvores superiores de *Eucalyptus saligna* (Smith.). Piracicaba, 1987. 87p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luis de Queiroz”. Universidade de São Paulo.
- PIUTTI, E.; CESCATTI, A. A quantitative analysis of the introductions between climatic response and intraspecific competition in European beech. **Canadian Journal Forestry Research**, v.27, p.277-284, 1997.
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. e OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 326p.
- RESENDE, M. D. V. 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**, v.22/23, p.61-77, 1991.

- RESENDE, M. D. V. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista Árvore**, v.19, n.4, p.470-500, 1995.
- RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Estimação dos valores genéticos no melhoramento genético de *Eucalyptus*: Seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v.29 p.1-32, 1994a.
- RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Maximização da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v.29, p.37-55, 1994b.
- RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J.; SAMPAIO, P. de T. B.; WIECHETECH, M. S. S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *P. caribaea* var. *hondurencis*. **Floresta**, v.24, n.1/2 , p.35-45, 1995.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA. 2002. /No prelo/
- SAMPAIO, P. de T. B. Variação genética entre procedências e progênies entre *Pinus oocarpa* Schiede, *P. caribaea* var. *hondurensis* Barr & Golf e *P. maximinoi* H. E. Moore. Métodos de seleção para melhoramento genético. Curitiba, 1996, 87p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Paraná.
- SAKAI, K. Y.; MUKAIDE, H. Estimation of genetic, environmental, and competition variances in standing forest. **Silvae Genetica**, v.16, p.149-152, 1966

- SDEDECOR, G.W.; COCHRAN, W. G. **Statistical methods**. Ames: Press. Ames, 1971. 508p.
- SEARLE, S. R. **Linear models for unbalanced data**. New York: Mc Graw-Hill. 1987. 536p. (Wiley series in probability and mathematical statistics.)
- STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. New York: Mc Graw-Hill, 1980. 663p.
- STERN, K. Vollständige varianzen und kovarianzen in pflanzen-beständen. **Silvae Genetica**, v.14, p.6-11, 1965.
- STORK, L. Modelos de regressão bi-segmentada descontínua com erros de medida aplicada na análise de estabilidade de cultivares. Piracicaba, 1989. 217p. Tese (Doutorado). Escola Superior de Agricultura “Luis de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética. 1992. 486p.
- WALTHER, H. **Grundlagen der Pflanzenverbreitung**. 2. ed. Stuttgart, 1960. 358p
- WILUSZ, W.; GIERTYCH, M. Effects of classical silviculture on the genetic quality of the progeny. **Silvae Genetica**, v.23, p.127-130, 1974.
- WRIGHT, J. W. An analysis method to improve statistical efficiency of a randomized complete block design. **Silvae Genetica**, v.27, p.12-14, 1978.