



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

“JÚLIO DE MESQUITA FILHO”



FACULDADE DE ENGENHARIA - CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA

DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA, TECNOLOGIA DE ALIMENTOS E SÓCIO-ECONOMIA

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE PROGÊNIES DE
***Hevea brasiliensis* (Willd. ex Adr. de Juss.) Muell.- Arg. EM TRÊS DIFERENTES REGIÕES**
DO ESTADO DE SÃO PAULO

Flávio Cese Arantes
Engenheiro Agrônomo

Dissertação apresentada à
Faculdade de Engenharia de Ilha
Solteira, Universidade Estadual
Paulista “Júlio de Mesquita Filho”,
para a obtenção do Título de
Mestre em Agronomia.
Área de concentração: Sistemas de
produção.

ILHA SOLTEIRA - SP

Fevereiro de 2010



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

“JÚLIO DE MESQUITA FILHO”



FACULDADE DE ENGENHARIA - CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA

DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA, TECNOLOGIA DE ALIMENTOS E SÓCIO-ECONOMIA

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE PROGÊNIES DE
***Hevea brasiliensis* (Willd. ex Adr. de Juss.) Muell.- Arg. EM TRÊS DIFERENTES REGIÕES**
DO ESTADO DE SÃO PAULO

Autor: Flávio Cese Arantes

Orientador: Mario Luiz Teixeira de Moraes

Co-orientador: Enes Furlani Junior

Dissertação apresentada à
Faculdade de Engenharia de Ilha
Solteira, Universidade Estadual
Paulista “Júlio de Mesquita Filho”,
para a obtenção do Título de
Mestre em Agronomia.
Área de concentração: Sistemas de
produção.

ILHA SOLTEIRA - SP

Fevereiro de 2010



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA
FACULDADE DE ENGENHARIA DE ILHA SOLTEIRA

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE PROGÊNIES DE *Hevea brasiliensis* (Willd. ex Adr. de Juss) Muell.- Arg. EM TRÊS DIFERENTES REGIÕES DO ESTADO DE SÃO PAULO

AUTOR: FLÁVIO CESE ARANTES

ORIENTADOR: Prof. Dr. MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE em AGRONOMIA ,
Área: SISTEMAS DE PRODUÇÃO, pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES

Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira

Prof. Dr. JOAO ANTONIO DA COSTA ANDRADE

Departamento de Biologia e Zootecnia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira

Prof. Dr. PAULO DE SOUZA GONÇALVES

Programa Seringueira / Instituto Agrônomo de Campinas - IAC - Campinas/SP

Data da realização: 23 de fevereiro de 2010.

*Aos meus pais, Altino e Genifer, pela
minha vida e ensinamentos*

Dedico

*Aos meus irmãos, André
e Fabiano, que são o elo de minha
jornada,
Ofereço*

Agradecimentos

A Deus por sempre iluminar meu caminho.

Aos meus avós, José Cese e Aparecida Cese, pela compreensão, carinho e dedicação aos netos.

Aos meus pais, Genifer A. Cese e Altino Arantes Junior, por serem o princípio de tudo aquilo que eu sou, pela vida, pelos ensinamentos e por infinitos motivos indescritíveis e impossíveis de serem escritos.

Aos meus irmãos, André e Fabiano, por serem os parceiros da vida, mais do que amigos... Obrigado, Brothers!

Aos Tios e tias, por contribuírem para minha formação pessoal, em especial o Tio Osny e a Tia Meiri pela convivência.

Aos primos e primas, em especial: Cristiano, Faíko, Sabrina, Rodrigo, Thiago e Gabriel.

À minha namorada, Tassiana, pois, além de ajudar na coleta dos dados da dissertação, sempre me deu forças para continuar e me ensinou o que é o amor.

Aos Amigos, sem os quais a vida não estaria completa: (Cecília Verardi, Janete Motta, Fernando Wergles, Thiago Jost, Belini Jr., Leozão, Laura, Floris, Kabessa (Ricardo), Alexandre Gaúcho, Daniela Canuto, Humer, Juliana Prado, Megumi e Aline, Michele Perez, Helio Sandoval, Deise de Paula, Embrião (Mateus), Lepira (Danilo), Toba (Luiz Gustavo), Ana Paula, Roberta Ferreira, Roberta Stroppa, Cachaço, Pinguim (Saulo), Sequela (Adelson), Elô (Eloiza) e todos da XV Turma da Agronomia da UNESP de Ilha Solteira, a República Fanfarrões e a Rep. Javolin Rabbah.

Aos amigos e amigas do Laboratório de Genética de populações I e II (Izabel, Ricardo, Laila, Lorraine, Thaise, As Ericas, Marcela, Sirlene, Ari, Letícia e em especial à Selma).

Ao Prof. Dr. Mario Luiz Teixeira de Moraes pela orientação acadêmica (desde 2003), por ser parte essencial na minha formação profissional e pessoal, sem esse Professor eu não seria o profissional que sou hoje. Muito obrigado, Professor Mario.

Ao Pesq. Dr. Paulo de Souza Gonçalves pelas sugestões apresentadas à melhoria da dissertação e da qualificação do mestrado e pelo exemplo de dignidade e excelência na área de pesquisa.

Ao Prof. Dr. João Antonio da Costa Andrade pelas críticas construtivas e correções pertinentes da dissertação e pelas aulas de genética quantitativa e melhoramento de plantas das quais elucidaram de maneira significativa o meu entendimento.

Ao Pesq. Dr. José Erivaldo Scaloppi Junior pela amizade, conselhos altamente acurados e por contribuir de forma significativa na conclusão dos objetivos desta dissertação.

Ao Prof. Dr. Enes Furlani Junior pela co-orientação na realização da dissertação.

Ao Prof. Dr. Pedro Cézar dos Santos pelas sugestões de melhoria à minha qualificação do mestrado.

Ao Pesq. Dr. Marcos Deon Vilela de Resende pelos conselhos altamente importantes e por ser, pra mim, um exemplo de profissional.

À Pesq. Dr^a. Elaine Cristine Piffer Gonçalves pelo fornecimento de dados da APTA de Colina - SP.

À equipe da Seção de Pós graduação, especialmente a Márcia, o Rafael e a Onilda, pelas explicações e eficiência no trabalho realizado e à Secretária do DFTASE, Clarice Trindade.

Aos funcionários da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão: Alonso Ângelo da Silva, Manoel Fernando Rocha Bonfin (Baiano), José Cambuim e a Todos os funcionários que contribuíram direta ou indiretamente para a realização desta dissertação.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pelo financiamento do projeto de pesquisa.

A Todos que contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	3
3. REVISÃO DE LITERATURA	4
3.1. Histórico da Seringueira.....	4
3.2. Localização Geográfica da Seringueira	5
3.3. Considerações sobre seringueira	5
3.4. Melhoramento genético de <i>Hevea brasiliensis</i>	6
3.5. Componentes de variância e herdabilidade.....	9
3.6. Adaptabilidade e estabilidade da espécie	12
3.7. Teste de seleção precoce: Hamaker Morris-Mann (Modificado)	15
4. MATERIAL E MÉTODOS	18
4.1. Material	18
4.2. Métodos.....	18
4.2.1. Caracteres quantitativos avaliados	18
4.2.2. Estimativa de parâmetros genéticos e estatísticos.....	19
4.2.3. Ganho na seleção pelo método do Índice Multiefeitos	21
4.2.4. Estabilidade e adaptabilidade.....	22
5. RESULTADOS E DISCUSSÕES	24
5.1. Estimativa de parâmetros genéticos e estatísticos 2008.....	24
5.2. Estimativa de parâmetros genéticos e estatísticos 2009.....	30
5.3. Ganho na seleção pelo método do Índice Multiefeitos	36
5.3.1. Estimativa de parâmetros genéticos (Análise conjunta)	36
5.3.2. Seleção das melhores progênies sem restrição ao tamanho efetivo populacional	40
5.3.3. Otimização da seleção em função do Tamanho efetivo populacional	45
5.4. Estabilidade e adaptabilidade	47
6. CONCLUSÃO	54
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	55

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE PROGÊNIES DE

***Hevea brasiliensis* (Willd. ex Adr. de Juss.) Muell.- Arg. EM TRÊS DIFERENTES REGIÕES DO ESTADO DE SÃO PAULO**

RESUMO

Clones com alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade a vários ambientes são imprescindíveis para o desenvolvimento da heveicultura no Brasil. O objetivo do trabalho foi selecionar progênies com maior adaptabilidade e estabilidade a partir do diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50) e a produção de borracha seca (PBS, a partir do teste Hamaker Morris Mann modificado), de uma população de seringueira, aos três anos de idade, plantada em três ambientes distintos (Selvíria-MS, Votuporanga-SP e Colina-SP), utilizando-se do método MHPRVG (média harmônica da performance relativa dos valores genéticos) preditos por BLUP e estimar a variabilidade genética a partir de caracteres quantitativos, tais como: altura da planta (ATP), DA50, forma da planta (FOP), sobrevivência das progênies (SOP) e PBS dos três locais, aos dois e três anos de idade, pelo procedimento REML/BLUP visando a conservação dos recursos genéticos da espécie. As sementes utilizadas na produção das mudas dos testes de progênies foram, na sua maioria, coletadas de clones de origem Asiática provenientes da coleção de clones instalada na área experimental da Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios – APTA - Polo Regional de Votuporanga, Estado de São Paulo. As progênies foram instaladas nos três locais sob o delineamento de blocos ao acaso, compostos por 30 tratamentos (progênies), três repetições e parcelas lineares de 10 plantas, no espaçamento de 3,00 x 3,00 metros, totalizando 900 plantas úteis em cada local. O método da MHPRVG propiciou um ganho genético de 12,03 a 45,65% entre 10 progênies selecionadas a partir da PBS e permitiu a seleção de progênies com alto potencial produtivo predito. As 10 melhores progênies foram oriundas dos clones GT1, PB 28/59, PR 261, RRIM 606, PB 217, IAC 41, IAC 35, PR 255, RRIM 701 e IAC 301. Os caracteres ATP, DA50, FOP, SOP e a PBS apresentaram coeficientes de variação genética consideráveis, variando de 1,25% para ATP a 21,33% para PBS e herdabilidades médias para DA50 e PBS de 0,23 e 0,80, respectivamente. Os caracteres quantitativos demonstraram alta variabilidade genética nos três locais. Portanto a população de seringueira pode ser usada como um material de alta qualidade para a conservação genética da espécie.

Palavras-chave: Seringueira, Teste HMMm, procedimento REML/BLUP, método MHPRVG, seleção genética

ADAPTABILITY AND STABILITY OF PROGENIES OF

***Hevea brasiliensis* (Willd. ex Adr. de Juss.) Muell.- Arg. IN THREE DIFFERENT REGIONS OF THE STATE OF SÃO PAULO**

ABSTRACT

Clones with high yield, adaptability and stability for many environments are indispensable to the development of the rubber tree crop in Brazil. The paper objective was to select progenies with high adaptability and stability from the diameter gauges from 50 cm of height of soil (DA50) and dry rubber yield (PBS, from the Hamaker Morris Mann modified test), of genotypes from a rubber tree population, two and three years old, installed in three different locations (Selvíria-MS, Votuporanga-SP e Colina-SP), by the MHPRVG (Harmonic Average Performance Relative breeding values) method predicted by BLUP and to estimate the genetic variability from quantitative characters: total height of the plant (ATP), DA50, plant form (FOP), survival of progeny (SOP) and PBS of three locations, two and three years old, by REML/BLUP procedure, intending the genetic resources conservation of the specie. The seeds used on seedlings production of progenies tests were in majority collected on Asiatic clones origin from the clones installed in the experimental area of Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios – APTA – Votuporanga regional pole, State of São Paulo. The progenies were installed in a randomized block design of 30 treatments (progenies), three replications and 10 plants per plot, with spacing of 3,00 x 3,00 m, a total of 900 useful plants in each location. The method of MHPRVG provided a genetic gain ranging from 12,03 to 45,65% in 10 progenies to the PBS and allowed the selection of progenies with high yield potential predicted. The 10 best progenies were derived from clones GT1, CR 28/59, PR 261, RRIM 606, PB 217, IAC 41, IAC 35, PR 255, RRIM 701 and IAC 301. The characters ATP, DA50, FOP, SOP and PBS presented considerable coefficients of genetic variation, ranging from 1,25% for the ATP to 21,33% for PBS and medium heritability for DA50 and PBS being 0,23 and 0,80, respectively. The quantitative characters obtained high genetic variability in three locations. Therefore the population of rubber tree can be used as a material of high quality for the genetic conservation of the specie.

Key words: Rubber tree, HMMm Test, REML/BLUP procedure, MHPRVG method, genetic selection

1. INTRODUÇÃO

A seringueira [*Hevea brasiliensis* (Willd. ex ADR. de Juss.) Muell. Arg], árvore de onde se retira o látex para a confecção da borracha natural é uma planta rústica, perene, adaptável à grande parte do território nacional. Pouco exigente em fertilidade do solo, pode ser uma opção desejável para áreas degradadas, oferecendo-lhes cobertura vegetal. Sua exploração econômica proporciona vantagens comparativas, de implantação, uniformidade genética, longevidade na produção, além de ser uma cadeia produtiva altamente dependente de mão-de-obra, o que a torna relevante do ponto de vista social. (ROSADO et al., 2007).

Embora mais de 2000 espécies de plantas superiores produzam látex com poliisoprenos (borracha natural), apenas a seringueira [*Hevea brasiliensis* (Willd. ex ADR. de Juss.) Muell. Arg] estabeleceu-se como espécie-chave na produção comercial de borracha, em função da excelente qualidade da borracha e seus subprodutos (ASAWATRERATANAKUL et al. 2003). Com propriedades únicas, entre os produtos naturais poliméricos, a borracha natural combina elasticidade, plasticidade, resistência ao desgaste (fricção), propriedades de isolamento elétrico e impermeabilidade a líquidos e gases (GONÇALVES et al., 1990).

No início do século passado, nosso país era o primeiro e único produtor e exportador de borracha natural. Hoje, é um dos países dependentes da importação de borracha natural, com uma demanda em 2008 de 320 mil toneladas e produção em torno de 100 mil toneladas. À medida que procuraram estimular e apoiar a heveicultura no País as metas não foram atingidas, uma vez que grande parte do investimento concentrou-se na região Amazônica (ALVARENGA, 2007). O Brasil continua sendo um país importador de borracha natural. Para um país que possui, em relação aos demais países produtores, uma área incomparavelmente maior para o plantio de seringueira, o déficit de produção significa, no mínimo, descaso para um produto estratégico de tão alto valor econômico-social (GONÇALVES et al., 2007).

A importância da seringueira decorre da influência que a borracha veio a exercer sobre a civilização, chegando mesmo a caracterizar uma época denominada de “ciclo da borracha”. No início do século XX, o Brasil se destacou no mercado mundial da borracha, quando a extração ainda era proveniente de seringais nativos da Amazônia, servindo este produto de suporte à nossa receita cambial, participando com 98% da produção mundial. O aparecimento do fungo causador do mal das folhas, *Microcyclus ulei* (P. Henn.) v. Arx., passou a ser o maior entrave para o desenvolvimento e produtividade da seringueira, e o Brasil perdeu espaço para outros países produtores como a Malásia, Indonésia e Tailândia (BERNARDES; VEIGA; FONSECA FILHO, 1990; COSTA et al., 2001).

Estudos de aptidão climática consideram a escala macroclimática instrumento útil para o planejamento de investimentos na implantação de novos sistemas de produção e para a indicação dos principais fatores limitantes à atividade em determinada região. A cultura da seringueira tem como fator decisivo para o sucesso de sua implantação a limitação de áreas que apresentam condições desfavoráveis ao aparecimento do mal das folhas, principal doença da cultura. Diversos estudos sobre aptidão climática da seringueira em diferentes Estados da Federação foram realizados, dentre os quais destaca-se Minas Gerais, São Paulo, Rio de Janeiro, Paraná e Bahia (GONÇALVES e MONTEIRO, 2007).

Segundo Santos e Mothé (2007) perspectivas de crescimento da produção de borracha natural no Brasil são muito positivas. Espera-se que dentro de alguns anos o país possa, pelo menos, suprir as necessidades da indústria nacional. Eles enfocam que a seringueira também ganha destaque nas discussões sobre efeito estufa e aquecimento global, uma vez que estudos mostram que a árvore pode fixar carbono e, desta forma, contribuir para a redução dos gases de efeito estufa, e que, a *Hevea brasiliensis* é uma espécie apta à reposição florestal e sua madeira pode ser comercialmente explorada.

Um dos principais fatores limitantes na recomendação de clones de seringueira é o longo período de testes de campo (25 a 30 anos), que compreende desde a polinização controlada até a fase de teste, após a qual são recomendados aos produtores para plantio em larga escala (GONÇALVES et al., 2001).

Desde a década de 40 o Instituto Agrônomo (IAC) tem desempenhado um importante papel no desenvolvimento da heveicultura no país, através de suas pesquisas visando seleção e melhoramento de materiais que servem de base para o Estado de São Paulo expandir seu programa heveícola (GONÇALVES et al., 1991). Apesar de todo o avanço conseguido com estas pesquisas, o Brasil ainda não consegue suprir o mercado interno de látex, necessitando ainda importar em torno de 75% do que consome e contribuindo com apenas cerca de 1% da produção mundial (COSTA et al., 2001; NIETO e RODRIGUEZ, 2003).

Portanto pode-se perceber que a busca por clones que exibam características altamente vantajosas, em termos de produtividade, adaptação e variabilidade a vários tipos de regiões é imprescindível para o desenvolvimento social, ambiental e crescimento econômico do nosso país.

2. OBJETIVOS

O objetivo foi selecionar progênies com maior adaptabilidade e estabilidade a partir do diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50) e a produção de borracha seca (PBS) de uma população de seringueira, aos três anos de idade, plantada em três ambientes distintos (Selvíria-MS, Votuporanga-SP e Colina-SP), utilizando-se do método MHPRVG (média harmônica da performance relativa dos valores genéticos) preditos por BLUP e estimar a variabilidade genética a partir de caracteres quantitativos, tais como: altura da planta (ATP), diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50), forma da planta (FOP) e sobrevivência das progênies (SOP) e PBS das três regiões, aos dois e três anos de idade, pelo procedimento REML/BLUP visando a conservação dos recursos genéticos da espécie.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Histórico da Seringueira

A borracha natural era extraída nas Américas mesmo antes da chegada dos europeus. Os indígenas já a conheciam e a utilizavam para rituais, para confecção de vasilhames de uso doméstico, de calçados e mesmo de bolas para jogos (ALVARENGA et al., 2007).

Mas foi em 1875 que a espécie foi domesticada pelos ingleses: Clement Markham (Escritório Índia Britânica), Joseph Hooker (Diretor do Jardim Botânico de Kew), Henry Wickham (Naturalista), Henry Ridley (Diretor do Jardim Botânico de Singapura) e R. M. Cross (Jardim de Kew) no Sudeste da Ásia (PRIYADARSHAN; GONÇALVES; OMOKHAFE, 2009).

Em 1874 Wickham veio ao Brasil com a missão de coletar sementes de seringueira. Na região de Boim, hoje Santarém, Wickham coletou 70.000 sementes e as levou à Inglaterra. Destas sementes coletas, 2.397 germinaram, as plântulas foram levadas para o Ceilão, atual Sri Lanka, um ano após foram introduzidas 22 “seedlings” no Jardim Botânico de Cingapura, onde produziram as primeiras sementes usadas na propagação da espécie no país, dando início a uma nova era da cultura no mundo e no Brasil (GONÇALVES, PAIVA; SOUZA, 1983; PRIYADARSHAN; GONÇALVES; OMOKHAFE, 2009).

A história da produção da borracha natural brasileira mostra que o país desfrutou da condição de principal produtor e exportador mundial no início do século XX, sem nunca ter plantado uma única árvore. Porém com a entrada da borracha produzida na Ásia no mercado, o Brasil começou a perder sua soberania (BERNARDES; VEIGA; FONSECA FILHO, 2000).

Nos primeiros 20 anos do século passado, as plantações de seringueira das Guianas falharam, em decorrência do mal-das-folhas (*Microcyclus ulei* (P. Henn.) v. Arx.. Plantios estabelecidos de sementes oriundas da região amazônica e de clones asiáticos em Fordlândia, em 1927, e em Belterra, em 1934, foram também severamente afetados pelo mal-das-folhas. Em 1937, a Companhia Ford iniciou programas de cruzamentos e enxertia de copas com o objetivo de combinar alta produção e resistência ao mal-das-folhas, combinando métodos hortícolas e genéticos. Esse programa teve prosseguimento pelo Instituto Agrônomo do Norte (IAN) a partir de 1964, hoje Embrapa Amazônia Oriental, seguindo os mesmos objetivos (PRIYADARSHAN; GONÇALVES; OMOKHAFE, 2009).

Atualmente, os objetivos do Melhoramento Genético da Seringueira variam de acordo com a região produtora. Em geral, dois são os objetivos principais: o primeiro está voltado exclusivamente para o aumento da produção, como é normalmente praticado nos países da Ásia e África; o segundo está relacionado também com o aumento da produção, mas com ênfase à

resistência às doenças importantes. Um exemplo se refere aos clones amazônicos das séries Fx e IAN, que foram e continuam sendo melhorados para produção e resistência a *M. ulei*. O mesmo acontece na Bahia, onde a ocorrência do mal-das-folhas é bastante severa (PRIYADARSHAN; GONÇALVES; OMOKHAFE, 2009).

3.2. Localização Geográfica da Seringueira

As 11 espécies do gênero *Hevea* estão distribuídas entre os países da América do Sul, são nativas de países como a Bolívia, o Brasil, a Colômbia, a Guiana francesa, a Guiana, o Peru, o Suriname e a Venezuela. Toda a espécie, exceto o *H. microphylla* ocorrem no Brasil, sendo este o seu centro da origem. Quatro espécies foram encontradas na Colômbia e três ocorrem na Venezuela. Duas ocorrem na Bolívia, Guiana francesa e britânica (PRIYADARSHAN e GONÇALVES, 2003). Segundo Clement-Demange et al. (2000) algumas espécies de *Hevea* evoluíram na floresta Amazônica há 100 mil anos.

Tradicionalmente, a borracha no Brasil tem sido cultivada na região situada entre 10 ° N e 10 ° S do Equador. Cultivo foi concentrado nesse local, uma vez que estas áreas forneceram as condições ambientais ideais, ou seja, a temperatura média anual de 26 ° C $\pm$ 2 ° C e alta pluviosidade (1800 a 3000 mm) distribuída ao longo do ano com 120 - 240 dias chuvosos por ano. Assim, as regiões fora das zonas convencionais estão começando a estabelecer a produção de borracha devido a uma crescente demanda mundial por essa commodity. Uma dessas regiões é o Estado de São Paulo, considerada como uma área hospitaleira para a cultura, compreendida entre 20 ° S e 21 ° S, muito além dos limites normais (GONÇALVES et al., 1999).

O Planalto Ocidental Paulista está localizado em uma região do Brasil considerada preferencial para o plantio da seringueira, uma vez que as condições climáticas não são favoráveis à ocorrência do mal das folhas em níveis epidêmicos, doença esta limitante ao plantio da cultura em regiões quentes e úmidas (RIBON *et al.*, 2001).

3.3. Considerações sobre seringueira

O gênero *Hevea* tem como área de ocorrência e dispersão natural a Região Amazônica brasileira e países próximos, como Bolívia, Colômbia, Equador, Guianas, Peru, Suriname e Venezuela. É cultivada na região equatorial entre as latitudes de 10°S e 10°N, com maior produção entre 6°S e 6°N. A espécie *H. brasiliensis* (família Euphorbiaceae) conhecida como seringueira, destaca-se entre outras pertencentes ao mesmo gênero por apresentar maior capacidade produtiva e

variabilidade genética para resistência a doenças (COSTA et al., 2001; GONÇALVES et al., 2001; NIETO e RODRIGUEZ, 2003).

A seringueira é uma dicotiledônea, monóica, ou seja, possui flores masculinas e femininas em um mesmo indivíduo. A polinização é entomófila, sendo que pequeninos insetos da família Ceratopogonidae (Heleidae) e tripes são os principais responsáveis pela polinização natural, operando em curtas distâncias para polinização cruzada (GONÇALVES et al., 2001). A floração ocorre em plantas com três ou quatro anos de idade, após a queda das folhas (PAIVA, 1992)

Apresenta-se como planta lenhosa arbórea, crescendo em áreas de declives de zero a 70 %; altitudes desde o nível do mar a 1.200 m; umidade relativa entre 70 a 80 %; temperatura média de 25°C, mínima de 15°C e ótima de 22 a 30°C; precipitação anual de distribuição regular durante todo o ano entre 1.500 a 4.000 mm e período seco bem definido (preferivelmente de 3 a 4 meses), com déficit hídrico de aproximadamente 300 mm coincidindo com a época de senescência; solos com permeabilidade e profundidades adequadas e pH entre 3,8 e 6,0 (ótimo: 4,0 a 5,5) (GONÇALVES et al., 2001; NIETO e RODRIGUEZ, 2003). As folhas são compostas, trifoliadas, alternadas, com pecíolo longo e nervuras muito marcadas, e um par de glândulas nectárias, sendo que a forma e composição das folhas são de característica varietal. O sistema radicular é composto por raiz pivotante e duas coroas de raízes laterais. As árvores perdem sua folhagem anualmente, e a refolha tem coloração cobre muito atraente. Áreas com alta nebulosidade não são desejáveis, pois as espécies requerem 1.500 a 1.800 horas de sol/ano. Ventos maiores que 8m/s (28,8km/h) podem danificar ou tombar as árvores (NIETO e RODRIGUEZ, 2003).

A borracha da seringueira é matéria-prima utilizada no transporte, indústria, material bélico, etc. perfazendo cerca de 50 mil diferentes artigos (COSTA et al., 2001; NIETO e RODRIGUEZ, 2003).

3.4. Melhoramento genético de *Hevea brasiliensis*

Alguns autores consideram que o conhecimento da genética da seringueira ainda é incipiente em função das dificuldades intrínsecas desse material, como a natureza heterozigota da cultura, o longo período necessário para iniciar a extração de látex e a baixa produtividade de sementes por polinização (cerca de dez sementes por cem flores polinizadas). Associado a esses fatores, a seringueira apresenta depressão por endogamia, dificultando ainda mais o desenvolvimento de progênes adequadas aos estudos genéticos clássicos (LESPINASSE et al., 2000). Como consequência, o melhoramento genético dessa espécie tem sido lento em função do tempo necessário para a completa avaliação de novos genótipos (JAYASHREE et al. 2003).

O melhoramento genético da *H. brasiliensis* no Brasil tem disponibilizado aos produtores do planalto paulista, um material genético produtivo, mais resistente a doenças e mais competitivo no mercado nacional e internacional. Esta ação elevou o Estado de São Paulo à posição de maior produtividade de borracha seca/hectare/ano do Brasil, e propiciou-lhe o status de detentor de clones que competem em igualdade de produção com os clones asiáticos (COSTA et al., 2001).

Os objetivos do melhoramento genético da seringueira variam de acordo com as necessidades específicas de cada região, mas de forma geral, fundamentam-se principalmente na obtenção de clones com alto potencial de produção, seguido de outros caracteres secundários desejáveis que pudessem contribuir para o aumento do potencial da produtividade. Os principais caracteres secundários são: vigor, crescimento do caule durante o procedimento de sangria, espessura de casca virgem, boa regeneração da casca, resistência às principais doenças da região, tolerância à quebra pelo vento e tolerância à seca do painel (GONÇALVES, 1986; COSTA et al., 2001).

Nos últimos anos, a escolha dos parentais, visando melhoramento, está se tornando mais complexa devido à multiplicidade de caracteres envolvidos no programa, uma vez que alta produção deixou de ser o único objetivo e se incluíram outros caracteres secundários, tais como precocidade, tipo de esgalhamento para resistência ao vento, dentre outros (GONÇALVES, 1995).

O programa de melhoramento genético da seringueira no Brasil tem constantemente procurado e utilizado novas fontes de variabilidade genética, visando atingir o objetivo básico de reunir em um só indivíduo as características de alta produtividade de borracha e resistência a doenças, como o mal das folhas (COSTA et al., 2005).

O ciclo para obtenção de clones produtivos compreende resumidamente, as etapas de plantio das sementes, transferência das plântulas para o viveiro de cruzamento, seleção e clonagem de ortetes aos dois anos e meio. Os caracteres considerados na condução da seleção em viveiro são a produção de borracha seca, o vigor, a arquitetura da ramificação da copa, e a incidência de doenças das folhas. Os clones que apresentarem boa produção e caracteres secundários aceitáveis são multiplicados e plantados em ensaios em grande escala. O objetivo dos ensaios em grande escala é obter informações sobre a performance dos clones sob diferentes condições ambientais antes de fazer qualquer recomendação para plantios comerciais (GONÇALVES et al., 1990). Dessa forma em *H. brasiliensis*, um ciclo completo de seleção pode levar até 25 anos para completar-se, só então é possível recomendar um clone para plantio em grande escala (GONÇALVES et al. 2005a).

Visando contornar o entrave do longo período do ciclo de melhoramento, um estudo realizado no nordeste do estado de São Paulo, com dados de diâmetros de 65 clones de *H. brasiliensis*, de diferentes idades dos estágios juvenil e adulto, demonstrou que a seleção precoce

para abertura de painel da seringueira, aos seis anos, pode ser efetivamente determinada aos quatro anos. Entretanto, uma seleção aos dois anos, também pode ser realizada, embora resulte em menor acurácia, mas seria ideal para a propagação precoce de clones selecionados, para posteriores testes e distribuição (GONÇALVES et al., 2005a).

A efetividade da seleção precoce depende grandemente da existência de correlação entre o estágio imaturo (precoce) e a herdabilidade das características juvenis. Por outro lado, a ocorrência de interação entre o genótipo e o ambiente, reduz a eficiência da seleção precoce e a correlação genética precoce-adulto. É conhecido que o desempenho de genótipos pode variar em diferentes ambientes, afetando assim a seleção (GONÇALVES et al., 2005c).

O sucesso do esquema seletivo depende da variação genética disponível na população. Assim, diferentes esquemas de seleção foram estudados em testes de progênie em seringueira objetivando o melhor ganho genético de caracteres de interesse silvicultural (PAIVA et al., 1982).

Os estudos de genética quantitativa em seringueira demonstram que a variância genética aditiva da produção e do vigor, contribui com uma parcela significativa na variância genética total, sugerindo que a seleção fenotípica dos parentais pode ser efetiva, mas a seleção baseada em valores genotípicos é mais precisa e confiável (TAN, 1981, GONÇALVES et al., 1999, COSTA et al., 2001, COSTA et al., 2002, FURLANI et al. 2005). Gonçalves et al. (2005b) realizaram estudo da variabilidade genética em progênies de *H. brasiliensis* (22 anos), instaladas em três diferentes regiões do estado de São Paulo, oriundas de polinização aberta entre clones selecionados de origem asiática. Estimaram-se as herdabilidades e ganhos genéticos esperados para o sistema laticífero e a produção de látex, assim como associações fenotípicas e genotípicas desses caracteres. Verificou-se a possibilidade de desenvolver nesses testes de progênies um programa de melhoramento, baseado em seleção entre progênies e dentro de progênies, visando melhorar as características produção de látex, espessura de casca e número de anéis de vasos lactíferos.

Em programas de melhoramento em *H. brasiliensis* uma preocupação constante é com a estabilidade e adaptabilidade dos genótipos em diversas condições ambientais (GONÇALVES et al., 1998a, COSTA et al., 2000a, COSTA et al., 2002, entre outros). Para tanto, podem ser utilizados vários métodos citados na literatura para se avaliar a performance genotípica. A diferença entre eles origina-se nos parâmetros adotados para a sua avaliação, nos procedimentos biométricos empregados para avaliá-la ou na informação ou detalhamento de sua análise (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Um método usado recentemente é o MHPRVG (média harmônica da performance relativa dos valores genéticos) preditos por BLUP (RESENDE, 2004), que embora apresente o mesmo rigor na seleção dos genótipos que o método apresentado por Lin e Binns (1988), tem a vantagem de fornecer resultados na escala de medição do caráter avaliado.

Na China, os plantios de seringueira estão sendo estabelecidos em latitude de 18 a 24°N, na Índia, em Bangladesh de 23 a 24°N, enquanto, no Brasil, os plantios estão se expandindo para latitudes de 19 a 23°S, incluindo Minas Gerais, Espírito Santo e Norte do Paraná, evidenciando a grande adaptabilidade da seringueira às mais diversas condições ecológicas (GONÇALVES et al., 2001).

3.5. Componentes de variância e herdabilidade

Os componentes de variância têm sido de grande interesse no melhoramento genético, pois permite, por intermédio de delineamentos experimentais, estimar a variância genotípica a partir de dados fenotípicos observados. A variância em relação ao caráter de interesse é uma importante prioridade de uma população ou conjunto de indivíduos. Logo, objetiva-se com a genética quantitativa determinar a fração herdável da média e da variância, com as quais se torna possível predizer as consequências dos diversos esquemas seletivos, além de facilitar as decisões sobre a escolha de métodos de melhoramento mais eficientes (CRUZ et al, 2004).

As estimativas de parâmetros genéticos são propriedades não somente de características biológicas, mas também da população, do ambiente, dos métodos de mensuração, da amostragem, e análises utilizadas para determiná-las (KOOTIS; GIBSON; SMITH, 1994; FALCONER e MACKAY 1996). Entretanto, as estimativas de médias independentes de parâmetros genéticos são utilizadas por pesquisadores para analisar a (co) variância genética dos parentais dentro e entre os caracteres (FALCONER e MACKAY 1996), para simular estratégias de reprodução (BORRALHO e DUTKOWSKI 1998; PILBEAM e DUTKOWSKI 2004), desenvolver ótimos índices de seleção (COTTERILL e DEAN 1990; PONZONI e NEWMAN 1989; SCHNEEBERGER et al. 1992), e predizer valores genéticos e respostas à seleção (HAMILTON e POTTS, 2008).

Segundo Cruz et al. (2004) a diversidade é medida de duas maneiras. Uma é a variabilidade genética, que expressa as diferenças entre indivíduos de uma mesma espécie ou de espécie diferente que resulta na biodiversidade. A outra é inerente à população, geralmente em Equilíbrio de Hardy-Weinberg e tratada como variância genotípica. A variância genotípica, além de expressar a diversidade entre indivíduos de uma população, pode ser tratada no contexto biométrico e subdividida em causas de variação (aditiva, dominante e epistática) importantes para o estabelecimento de estratégias de seleção. Geralmente, a variância genotípica pode ser entendida e modelada como resultado de fatores intrínsecos da população, como a sua frequência gênica, e da ação gênica sobre o caráter estudado.

A variância genética aditiva é a fração mais importante a ser determinada, pois ela é a principal causa da semelhança entre parentes e determinantes funcional das propriedades genéticas

da população, conseqüentemente, da sua resposta à seleção (FALCONER e MACKAY, 1996). A variação genética e principalmente sua parte aditiva mostra, para uma determinada característica, o potencial da população para fins de seleção e melhoramento (NAMKOONG, 1979). O efeito aditivo dos genes controla a maioria dos caracteres das árvores. O seu conhecimento possibilita a seleção por caracteres de importância econômica, que tem garantido grandes avanços no aumento da produtividade (SHIMIZU; KAGEYAMA; HIGA, 1982).

Destaca-se ainda, entre os parâmetros genéticos quantitativos, o coeficiente de herdabilidade, que expressa a herança genética presente na variação fenotípica. Esse coeficiente, segundo Falconer e Mackay (1972), Zobel e Talbert (1984) e Vencovsky; Barriga (1992) é um parâmetro próprio de uma população em um determinado ambiente, não sendo propriedade de um caráter de uma espécie, podendo, dessa forma, variar em diferentes idades e ambientes. A utilização dessa estimativa em idades precoces serve apenas como indicativa de comportamento, sendo ideal a sua estimativa em idades de uso (SEBBENN; KAGEYAMA; VENCOVSKY, 1998). A herdabilidade, além de ser um atributo do caráter e da população sob seleção, é como ferramenta de trabalho, um coeficiente que deve refletir o esquema seletivo a ser utilizado, ou seja, ela é dependente da unidade de seleção (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

A Tabela 1 mostra a variação das estimativas dos parâmetros genéticos em diferentes ambientes e aos três anos de idade, para os caracteres diâmetro e produção de borracha seca (obtidas pelo teste HMM modificado) coletados de diferentes trabalhos da literatura científica.

Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos em progênie de seringueira aos três anos de idade para diâmetro (D) e produção de borracha seca (PBS*).

Autores		parâmetros genéticos				
		$\hat{h}_a^2$	$\hat{h}_{mp}^2$	$\hat{r}_{aa}$	CVg(%)	CVe(%)
Verardi et al. (2009)	PBS	0,0669 ⁽¹⁾	0,4269 ⁽¹⁾	0,6534 ⁽¹⁾	16,44 ⁽¹⁾	23,33 ⁽¹⁾
		0,6680 ⁽²⁾	0,8824 ⁽²⁾	0,9393 ⁽²⁾	72,81 ⁽²⁾	32,56 ⁽²⁾
		0,3436 ⁽³⁾	0,8453 ⁽³⁾	0,9194 ⁽³⁾	49,59 ⁽³⁾	25,98 ⁽³⁾
Gonçalves et al. (2009)	PBS	0,3145 ⁽¹⁾	-	-	16,69 ⁽¹⁾	-
		0,6350 ⁽²⁾	-	-	34,85 ⁽²⁾	-
		0,2241 ⁽³⁾	-	-	20,84 ⁽³⁾	-
	D	0,6700 ⁽¹⁾	-	-	11,80 ⁽¹⁾	-
		0,6722 ⁽²⁾	-	-	11,29 ⁽²⁾	-
		0,6637 ⁽³⁾	-	-	9,32 ⁽³⁾	-
Costa et al. (2008)	PBS ⁽¹⁾	0,2610	0,7708	0,8780	44,33	27,02
	D ⁽¹⁾	0,5408	0,8728	0,9343	17,08	7,29
Gonçalves et al. (2005b)	PBS	0,3161 ⁽¹⁾	0,5026 ⁽¹⁾	0,7089 ⁽¹⁾	16,68 ⁽¹⁾	28,75 ⁽¹⁾
		0,6328 ⁽²⁾	0,8567 ⁽²⁾	0,9256 ⁽²⁾	34,84 ⁽²⁾	34,91 ⁽²⁾
		0,2249 ⁽³⁾	0,6748 ⁽³⁾	0,8215 ⁽³⁾	20,62 ⁽³⁾	7,67 ⁽³⁾
Gonçalves et al. (2004)	PBS ⁽²⁾	0,3712	0,6385	0,7990	22,01	33,13
	D ⁽²⁾	0,3473	0,7205	0,8488	10,18	12,68
Costa et al. (2002)	PBS	0,2400 ⁽¹⁾	-	-	-	-
		0,4900 ⁽²⁾	-	-	-	-
		0,1400 ⁽³⁾	-	-	-	-
Costa et al. (2000b)	PBS	0,0740 ⁽¹⁾	0,5310 ⁽¹⁾	0,4690 ⁽¹⁾	15,64 ⁽¹⁾	34,11 ⁽¹⁾
		0,4260 ⁽²⁾	0,8850 ⁽²⁾	0,7220 ⁽²⁾	40,92 ⁽²⁾	37,67 ⁽²⁾
		0,1680 ⁽³⁾	0,7850 ⁽³⁾	0,5920 ⁽³⁾	33,44 ⁽³⁾	26,02 ⁽³⁾
Costa et al. (2000c)	PBS ⁽¹⁾	0,1060	0,5430	0,7369	15,64	34,11
Costa et al. (2000d)	PBS ⁽¹⁾	0,2630	0,8060	0,4520	-	33,45
	D ⁽¹⁾	0,3460	0,9020	0,4780	-	13,19
Gonçalves et al. (1999)	PBS ⁽²⁾	0,5097	0,9052	0,9514	44,21	43,74
	D ⁽²⁾	0,4852	0,8079	0,8988	5,41	7,06
Gonçalves et al. (1998a)	PBS	0,3307 ⁽¹⁾	0,6359 ⁽¹⁾	0,7974 ⁽¹⁾	23,34 ⁽¹⁾	31,85 ⁽¹⁾
		0,5838 ⁽²⁾	0,8144 ⁽²⁾	0,9024 ⁽²⁾	34,10 ⁽²⁾	36,59 ⁽²⁾
		0,2161 ⁽³⁾	0,6273 ⁽³⁾	0,7920 ⁽³⁾	17,52 ⁽³⁾	34,97 ⁽³⁾
Gonçalves et al (1998b)	PBS ⁽³⁾	0,5144	0,8188	0,9009	22,60	35,09
Boock et al. (1995)	PBS ⁽³⁾	0,3502	0,7332	0,8563	25,47	-
	D ⁽³⁾	0,4743	0,7511	0,8667	7,90	5,34
Moreti et al. (1994)	PBS ⁽²⁾	0,8194	0,8952	0,9461	36,93	28,62
	D ⁽²⁾	0,3162	0,6739	0,8209	4,39	6,94

*Teste Hamaker Morris-Mann (modificado); $\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual; $\hat{h}_{mp}^2$: herdabilidade da média da progênie; $\hat{r}_{aa}$: acurácia de seleção; CVg(%): Coeficiente de variação genética; CVe(%): Coeficiente de variação experimental; (1) Jaú-SP; (2) Pindorama-SP; (3) Votuporanga;

3.6. Adaptabilidade e estabilidade da espécie

Tentando contornar o problema do longo período de testes de campo dos clones de seringueira (25 a 30 anos), os institutos de pesquisa têm experimentado clones elites, originados de outras regiões, em solos e clima prevalentes de áreas heveícolas da região a que se destina o material. Tratando-se de clones amazônicos, a busca de áreas que propiciem o escape da seringueira ao mal das folhas causada pelo fungo *Microcyclus ulei* (P. Henn) v. Arx, vem se constituindo como uma excelente alternativa para a utilização desses clones elite (GONCALVES et al., 2001).

Segundo Ho (1979), o tipo de solo pode realçar ou restringir o potencial de um clone, ao passo que outros fatores ecológicos, tais como o vento e a propensão à incidência de doenças que, quando severas, podem reduzir seriamente o referido potencial.

A identificação de genótipos com alta produtividade, estabilidade de produção e ampla adaptabilidade aos mais variados ambientes é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento. A condução de experimentos, em vários locais e anos, faz-se necessária para diminuir o efeito da interação GxA e seu possível impacto sobre a seleção e indicação de cultivares. Tal procedimento é imprescindível para se assegurar maior confiabilidade na recomendação de cultivares (CRUZ e CASTOLDI, 1991; SUDARIC; SIMIC; VRATARIC, 2006). O estudo dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica dos genótipos tem sido de grande contribuição nesse aspecto, pois fornece informações sobre o comportamento de cada genótipo, em várias condições ambientais (CRUZ, et al., 2004).

A adaptação específica dos genótipos a determinados ambientes é causa evolutiva básica da interação GxA, que manifesta-se sob qualquer caráter métrico. Dessa forma, tal interação é consequência da mesma causa básica da diversidade, pois boa parte da diversidade natural existente surgiu pelo efeito diferencial da seleção. Uma população grande em um ambiente variável estará sujeita a pressões de seleção diferentes; então, havendo variabilidade no valor adaptativo dos indivíduos, aqueles mais adaptados serão beneficiados (CHAVES, 2001).

A avaliação de variedades ou de progênies, com vistas à identificação e recomendação de materiais genéticos superiores, é uma das principais etapas dos programas de melhoramento. Como os testes são conduzidos em diferentes condições climáticas, edáficas e de manejo das culturas, as progênies devem apresentar a maior produtividade, adaptabilidade e estabilidade possível, diante da diversidade ambiental. A capacidade de os materiais genéticos se comportarem bem em uma grande amplitude de condições ambientais é um requisito desejado nos programas de melhoramento genético. Isso realça a importância do estudo da estabilidade (PINTO Jr et al., 2006). De acordo com Resende (2002a) um material é considerado estável quando apresenta pequenas variações no seu comportamento geral e uma média boa, ao ser avaliado em diversas condições de ambiente.

Atualmente, procedimentos de interpretação mais simples têm sido preferidos para a análise da estabilidade e adaptabilidade. Nesse sentido, medidas que incorporam a estabilidade e a adaptabilidade em uma única estatística, tais como os métodos de Annicchiarico (1992) ou de Lin Binns (1988) têm sido enfatizados e recomendados por Cruz e Carneiro (2003).

A metodologia proposta por Lin e Binns (1988) é uma boa alternativa na avaliação da estabilidade, pois não apresenta as limitações do uso da regressão e possibilita a identificação de uma ou mais cultivares com desempenho próximo do valor máximo, nos vários ambientes testados. Ela estima o desvio de uma determinada variedade em relação ao material de desempenho máximo (índice P_i), em cada ambiente. Logo, quanto menor o valor da estimativa desse índice, mais adaptado será o material e menor também será o desvio em torno da produtividade máxima em cada ambiente. Assim, uma maior estabilidade estará associada, obrigatoriamente, a uma maior produtividade (SCAPIM et al., 2000).

No contexto dos modelos mistos, um método para ordenamento de genótipos simultaneamente por seus valores genéticos (produtividade) e estabilidade, refere-se ao procedimento BLUP sob médias harmônicas (RESENDE, 2002a). Neste caso, o vetor de dados (y) deve ser trabalhado como a recíproca dos dados observados, ou seja, ($1/y$). Isto produz resultados que são funções ($1/H$) da média harmônica (H) dos dados. Quanto menor for o desvio padrão do comportamento genotípico através dos locais, maior será a média harmônica de seus valores genotípicos através dos locais. Assim, a seleção pelos maiores valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) implica simultaneamente seleção para produtividade e estabilidade. Adicionalmente, o uso da transformação $1/y$ considera também a instabilidade dentro dos locais.

A seleção considerando simultaneamente a produtividade, estabilidade e adaptabilidade, no contexto dos modelos mistos, pode ser feita por meio da estatística da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) preditos, apresentando as seguintes vantagens, quando comparado com outros métodos, segundo Resende (2004):

- (i) considera os efeitos genotípicos como aleatórios;
- (ii) permite lidar com heterogeneidade de variâncias;
- (iii) permite lidar com dados não balanceados;
- (iv) permite lidar com delineamentos não ortogonais;
- (v) considera os erros correlacionados dentro de locais;
- (vi) fornece valores genéticos já descontados da instabilidade; e
- (vii) gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado.

Sturion e Resende (2005) avaliaram a produtividade, adaptabilidade e estabilidade de progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) pelo método MHPRVG colhidas em três safras. Selecionaram-se, praticamente, as mesmas progênies para os três atributos considerados e

constatarem que o método MHPRVG apresenta vantagem de fornecer resultados na própria escala e medição do caráter, os quais podem ser interpretados diretamente como valores genéticos.

Oliveira et al. (2005) avaliaram clones de cana-de-açúcar em três locais do Estado do Paraná e concluíram que o método de Lin e Binns (1988) selecionou os mesmos clones que o método da MHPRVG, entretanto este último tem a vantagem de fornecer resultados na escala de medição do caráter avaliado.

Pinto Jr. et al. (2006) mostraram que a metodologia MHPRVG é útil à simulação da seleção de progênies de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden para a produtividade, adaptabilidade e estabilidade em três municípios paulistas e concluíram que a seleção baseada nos critérios simultaneamente, da produtividade, estabilidade e adaptabilidade (estatística MHPRVG) é altamente vantajosa, por ponderar a informação enquanto progênie e indivíduo, além de propiciar uma seleção otimizada de indivíduos, levando em conta a estabilidade e adaptabilidade das progênies.

Bastos et al. (2007) avaliaram genótipos de cana-de-açúcar em sete regiões diferentes do estado de Minas Gerais a partir da metodologia MHPRVG e determinaram com sucesso os melhores clones para as regiões estudadas concluindo que os valores genotípicos capitalizando a interação genótipo x ambiente apresentaram alta correlação com os valores preditos pelo método MHPRVG.

Estudos da adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos preditos em 15 ambientes diferentes foram realizados pelo procedimento MHPRVG por Carbonell et al. (2007). Eles observaram que o método selecionou as mesmas linhagens, contudo, o método MHPRVG forneceu os resultados na própria escala de medição do caráter avaliado, os quais foram interpretados diretamente como valores genéticos para produtividade, estabilidade e adaptabilidade simultaneamente.

Zeni Neto et al. (2008) avaliaram vários clones de cana de açúcar em três locais no Estado do Paraná pelo método da MHPRVG e concluíram que o uso do critério MHVG (média harmônica dos valores genéticos) deve ser empregado com cautela quando se faz seleção para estabilidade e produtividade em experimentos desbalanceados, isto é, quando todos os clones não estão presentes em todos os ambientes testados.

Verardi et al. (2009) determinaram a adaptabilidade e estabilidade de progênies de seringueira pelo procedimento MHPRVG em três locais a partir de dados de produção de borracha seca obtidos pelo teste de HMM (modificado por Tan e Subramanian, 1976). Observou-se coeficientes de variação genética de 16,44 a 72,81% e herdabilidades médias de progênies de 0,4269 a 0,8824 para a produção de borracha seca. Eles concluíram que as progênies demonstram alta estabilidade nos ambientes avaliados e as três melhores progênies selecionadas apresentam

adaptabilidade e estabilidade nos três locais simultaneamente, com ganhos genéticos entre 9,66 a 28,02%.

3.7. Teste de seleção precoce: Hamaker Morris-Mann (Modificado)

Em *Hevea* spp., um dos caracteres mais importantes na seleção de material genético é a produção do látex. A avaliação final de um clone é um processo moroso que exige, normalmente, de dois a três anos, da polinização à clonagem do material. Dessa forma, o tempo necessário para produzir e testar novos clones abrange, no mínimo, de 20 a 30 anos, até a recomendação final ao nível de produtor. Isso tem feito com que melhoristas conduzissem pesquisas para reduzir o ciclo de seleção, ou pesquisas envolvendo avaliações de caracteres da planta para estimar as relações (GONÇALVES; CARDOSO; BORTOLETTO, 1988).

Os testes de progênes, instrumentos importantes para o trabalho do melhorista, são usados na estimativa de parâmetros genéticos e seleção de indivíduos, quando se procura avaliar a magnitude e a natureza da variância genética disponível, com vistas a quantificar e maximizar os ganhos genéticos, utilizando-se procedimento de seleção adequado. Os caracteres normalmente avaliados nesses experimentos com a seringueira referem-se à altura, perímetro do caule e produção de látex, sendo a seleção geralmente baseada nesse último (COSTA et al., 2008).

Visando a redução do ciclo de melhoramento Hamaker (1914) na Indonésia e Morris e Mann (1932) na Malásia foram os primeiros pesquisadores a trabalharem com métodos diretos de seleção de plantas com base na sangria precoce. O método consistia em sangrias sucessivas em árvores de três a quatro anos de idade. Os resultados com esse teste, hoje de uso universal nos centros de pesquisa de seringueira dada a sua confiabilidade, apresentam alta correlação com as produções dos primeiros quatro anos de sangria (GONÇALVES et al., 1988).

O método foi primeiramente desenvolvido por Hamaker no desbaste de plântulas adensadas durante os primeiros anos de introdução da seringueira em Java e Indonésia (VOLLEMA, 1934 citado por GONÇALVES et al., 1988). Mais tarde, o Rubber Research Institute of Malasya (MORRIS e MANN, 1932) e a Estação Experimental do Oeste de Java (DIJKMAN, 1939 citado por GONÇALVES et al., 1988) pesquisaram a dimensão das produções obtidas em curto período de sangria em plântulas vigorosas e observaram que elas eram de fato representativas da produtividade na fase adulta. Os resultados mostraram uma alta correlação entre a produção obtida no teste e a produção de borracha do primeiro ano da planta adulta. O método foi posteriormente modificado por Tan e Subramanian (1976) para testar plântulas de dois a três anos de idade, com bastante sucesso, e atualmente ele vem sendo utilizado em instituições de pesquisas da Ásia e do Brasil para selecionar plântulas em viveiro de cruzamentos, etapa que corresponde ao

primeiro ciclo de seleção em programas de melhoramento genético de seringueira (GONÇALVES et al., 1988).

Lavorenti et al. (1990) determinaram a existência e as magnitudes de correlações e regressões lineares simples em plântulas de seringueira aos três anos e meio de idade. Os resultados mostraram, entre outros fatores, que a correlação linear simples da produção precoce do teste HMM com a circunferência do caule foi alta e significativa (0,61). E concluiu-se que há possibilidade de obter genótipos jovens de boa capacidade produtiva e grande vigor, através de seleção precoce dessas variáveis.

Moreti et al. (1994) avaliaram, entre outros caracteres, a produção de borracha seca pelo teste HMM modificado (TAN e SUBRAMANIAN, 1976) em 17 progêneses aos três anos de idade. Eles encontraram herdabilidade média de progênie de 0,8952, coeficiente de variação genética de 36,93% e um ganho genético total de 15,69% para a produção de borracha seca.

Boock et al. (1995) avaliaram, entre outros caracteres, a produção de borracha seca pelo teste HMM modificado por Tan e Subramanian (1976) aos três anos de idade em 22 progêneses de seringueira localizadas em Votuporanga-SP. Foi encontrada herdabilidade em nível de média de progêneses de 0,7332 e coeficiente de variação genética de 25,48 % para produção de borracha seca.

Gonçalves et al. (1996) avaliaram 10 caracteres juvenis de dezessete progêneses e as suas correlações genéticas e fenotípicas. Observou-se alta variabilidade genética e herdabilidade para a média de produção (0,82). Não foi observada correlação significativa entre a circunferência do caule e a média produção de borracha seca, obtida pelo teste HMM.

Gonçalves et al. (1998a) avaliaram 22 progêneses em três diferentes locais do Estado de São Paulo pelo teste de HMM modificado por Tan e Subramanian (1976) e encontraram ganhos genéticos entre progêneses em média de 32,44 a 35,95% para a produção de borracha seca e um coeficiente de variação genética de 19,72% na análise conjunta de todos os locais.

Gonçalves et al. (1998b) avaliaram, entre outras variáveis, a produção de borracha seca pelo teste HMM modificado em 22 progêneses na Estação Experimental de Votuporanga-SP e encontraram herdabilidades individuais e em nível de médias de progêneses de 0,5144 e 0,8118, respectivamente e um coeficiente de variação genética de 22,60%.

Costa; Resende; Gonçalves (2000b) avaliaram 22 progêneses em três diferentes locais do Estado de São Paulo pelo teste de HMM modificado por Tan e Subramanian (1976) aos três anos de idade e encontraram herdabilidades de média de progêneses de 0,543 a 0,906 e acurácias de 0,445 a 0,789.

Gonçalves et al. (2004) avaliaram, dentre outros caracteres, o perímetro do caule e a produção de borracha seca, pelo teste HMM modificado, em 20 progêneses localizadas Estação Experimental de Pindorama-SP. Eles encontraram correlações genéticas e fenotípicas altas e

significativas entre esses dois caracteres (0,7330 e 0,7072, respectivamente). Eles encontraram uma herdabilidade da média da progênie de 0,6385 de magnitude e um coeficiente de variação genética de 22,01%, para o caráter produção.

Costa et al. (2008) avaliaram a variabilidade genética de 22 progênies de seringueira para o caráter produção de borracha seca aos três anos de idade em Votuporanga-SP pelo teste HMM, modificado por Tan e Subramanian (1976). Foi observado um ganho genético para a produção de 16,2% e um coeficiente de variação genética individual de 44,33%. Eles encontraram correlação baixa, porém significativa e positiva, entre perímetro e produção de borracha e nenhuma correlação entre altura da planta e produção de borracha, concluindo que pode-se aumentar a produção de borracha e diminuir a altura das plantas de seringueira.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Material

As sementes utilizadas na produção das mudas dos testes de progênies foram, na sua maioria, de clones de origem Asiática provenientes da coleção de clones instalada na área experimental do Polo Regional de Votuporanga, Estado de São Paulo. Os testes clonais onde coletou-se as sementes foram: 1-12-56-77, 64B 850, Fx (2261 e 3864), GT1, IAC (15, 301, 307, 311, 35, 40, 41 e 44), IAN 873, IRCA 111, MT 45, PB (217, 235, 252, 260, 28/59 e 330), PIND 595/89, PR 255 e 261, RO/I (35 e 110), RRIM (600, 606 e 701). Os três testes de progênies foram instalados em outubro de 2006, nos seguintes locais: 1) FEPE/FEIS/UNESP, Selvíria – MS; 2) APTA – Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios - Pólo Regional de Votuporanga - SP e 3) APTA – Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios - Pólo Regional de Colina - SP.

As sementes foram colocadas para germinar em sacos de polietileno, e as progênies transportadas para o local definitivo, com dois lançamentos foliares. As progênies foram instaladas, em cada local, sob o delineamento de blocos ao acaso, compostos por 30 tratamentos (progênies), três repetições e parcelas lineares de 10 plantas, no espaçamento de 3,00 x 3,00 metros, totalizando 900 plantas úteis.

4.2. Métodos

4.2.1. Caracteres quantitativos avaliados

Os caracteres quantitativos avaliados aos dois e três anos de idade foram:

- a) altura total da planta (ATP) em metros: Mensuradas com o aparelho Vertex III – hipsômetro ultrasônico – da marca Haglöf.
- b) diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50 - cm): Mensurado o perímetro (P) com fita métrica de precisão milimétrica e depois transformado para diâmetro (D) a partir da fórmula $D = P/\pi$.
- c) forma da planta (FOP): Obtida com base em uma escala de notas de 1 a 5. Nota 1 foi considerada às plantas com bifurcação abaixo de 1,30 m do solo. Nota 2 às plantas com bifurcação de 30 a 50 cm acima de 1,30 m do solo. Nota 3 às plantas que perderam a dominância apical acima de 1,30 m do solo e assim vários galhos cresceram de forma desordenada. Nota 4 às plantas com dominância apical entretanto levemente tortuosas. Nota 5 às plantas com boa formação de copa e dominância apical.

- d) sobrevivência das progênes (SOP): contadas as plantas mortas e as falhas da parcela.
- e) Teste de seleção precoce (Hamaker Morris-Mann Modificado): Aos três anos de idade, as progênes foram avaliadas quanto a produção de borracha seca, obtida pelo teste Hamaker Morris-Mann (HMM) modificado para plantas de três anos de idade (TAN e SUBRAMANIAN, 1976), utilizando-se o total de produção de borracha seca de 10 cortes por planta. O painel de sangria foi aberto a 30 cm do solo, ângulo de sangria de 45°, pelo sistema S/2 d/2 2.5% Etefon, no total de 15 cortes, descartando-se as cinco primeiras amostras que correspondem à fase de amansamento do painel. As sangrias das 10 coletas, após secagem ao ar livre, foram pesadas até atingirem o peso constante. A nomenclatura S/2 corresponde ao corte em meio espiral, e a nomenclatura d/2 expressa o intervalo entre sangrias, ou seja, uma sangria a cada dois dias e 2,5% Etefon é a concentração do produto. As plantas da parcela foram sangradas aleatoriamente. O total de plantas sangradas em Selvíria-MS e Colina-SP foi de 344 e em Votuporanga-SP foram 545 plantas sangradas.

4.2.2. Estimativa de parâmetros genéticos e estatísticos

As variáveis quantitativas foram analisadas usando-se o método de modelo linear misto via procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor preditor linear não viciado) em progênes de polinização aberta, com sistema reprodutivo misto, com taxa de autofecundação de 22% (COSTA et al., 2000b), várias plantas por parcela, blocos ao acaso (Modelo 110), apresentado por Resende (2002b) por meio do seguinte modelo estatístico:

$$y = Xr + Za + Wp + e,$$

em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os parâmetros genéticos estimados pelo modelo 110 foram:

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genética entre progênes, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação (22%).

$\hat{\sigma}_c^2$: variância ambiental entre parcelas.

$\hat{\sigma}_e^2$: variância residual (ambiental + não aditiva).

$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2$: variância fenotípica individual.

$\hat{h}_a^2$: $(\hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_f^2)(1+0,22)^2/4$. herdabilidade individual no sentido restrito. Com taxa de autofecundação de 22%.

$\hat{c}_{parc}^2$: $\hat{\sigma}_c^2 / \hat{\sigma}_f^2$: Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.

$\hat{h}_{mp}^2$: $(0,25 \hat{\sigma}_g^2) / [0,25 \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_c^2 / n^{\circ} \text{rep.} + (0,75 \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2) / (n^{\circ} \text{rep. } n^{\circ} \text{ plantas/parcelas})$: herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa.

$\hat{r}_{aa}$: Acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa.

$\hat{h}_{ad}^2$: $(0,75 \hat{\sigma}_g^2) / (0,75 \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2)$: herdabilidade aditiva dentro de parcela.

CVg%: $[(\hat{\sigma}_g^2)^{1/2} / \text{Média geral}] 100$: coeficiente de variação genotípica entre progênes.

CVe%: $\{[(0,75 \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2)/3 + \hat{\sigma}_c^2]^{1/2} / \text{Média geral}\} 100$: coeficiente de variação residual.

CVr : CVg/CVe = coeficiente de variação relativa.

μ = Média geral do experimento.

A análise conjunta realizada a partir do diâmetro da planta a 50 cm do solo e da produção de borracha seca usando-se o método de modelo linear misto via procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor preditor linear não viciado) foi realizada por meio do modelo estatístico apresentado por Resende (2002ab) e correspondente ao Modelo 4 do *Software* Selegen:

$$y = Xr + Za + Wp + Ti + e,$$

em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os parâmetros genéticos estimados pelo Modelo 4 do *Software* Selegen foram:

$\hat{\sigma}_a^2$: variância genética aditiva.

$\hat{\sigma}_c^2$: variância ambiental entre parcelas.

$\hat{\sigma}_{int}^2$: variância da interação genótipo x ambiente.

$\hat{\sigma}_e^2$: variância residual.

$\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual.

$\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

$\hat{c}_{parc}^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.

$\hat{c}_{int}^2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente.

$\hat{h}_{mp}^2$: herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa.

$\hat{r}_{aa}$: acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa.

$\hat{h}_{ad}^2$: herdabilidade aditiva dentro de parcela.

$\hat{r}_{gloc}$: correlação genotípica entre o desempenho das progênes nos vários ambientes.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênes, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênes, assumindo sobrevivência completa.

μ : Média geral do experimento

4.2.3. Ganho na seleção pelo método do Índice Multiefeitos

O índice Multiefeitos foi empregado objetivando a estimativa de ganhos na seleção, com base no diâmetro da planta a 50 cm do solo e na produção de borracha seca.

Uma das vantagens da seleção pelo método multiefeito é a redução do peso dado à média geral das matrizes, permitindo assim uma melhor distribuição dos indivíduos selecionados nas várias matrizes. O Índice Multiefeitos ($\hat{I}$) possui a expressão:

$$\hat{I} = \hat{b}_1 Y_{ijk} + (\hat{b}_2 - \hat{b}_3) \bar{Y}_{i..} + (\hat{b}_3 - \hat{b}_1) \bar{Y}_{ij.} - \hat{b}_3 \bar{Y}_{.j.} + (\hat{b}_3 - \hat{b}_2) \bar{Y}_{...}$$

em que: $\bar{Y}_{...}$: média geral do ensaio; Y_{ijk} : valor individual; $\bar{Y}_{i..}$: média da matriz no ensaio;

$\bar{Y}_{ij.}$: média da matriz em determinado bloco (média da parcela); $\bar{Y}_{.j.}$: média do bloco; $\hat{b}_1 = \hat{h}_d^2$:

herdabilidade, no sentido restrito, dentro de parcelas: $\hat{h}_d^2 = \frac{(3/4)\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_d^2}$; $\hat{b}_2 = \hat{h}_m^2$: herdabilidade, no

sentido restrito, de matrizes: $\hat{h}_m^2 = \frac{[(3+nb)/(4nb)]\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{b} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{nb}}$; $\hat{b}_3 = \hat{h}_p^2$: herdabilidade, no sentido restrito, de

parcelas: $\hat{h}_p^2 = \frac{[3/(4n)]\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_e^2 + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{n}}$;

onde: $\hat{\sigma}_a^2$ = Variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_d^2$ = Variância dentro da parcela; $\hat{\sigma}_p^2$ = Variância fenotípica individual; $\hat{\sigma}_e^2$ = Variância residual; n = número de indivíduos da parcela; b = número de blocos.

O tamanho efetivo populacional (N_e) foi obtido com base em Resende (2002a):

$$N_e = (4.N_f.\bar{k}_f) / [\bar{k}_f + 3 + (\sigma_{kf}^2 / \bar{k}_f)]$$

em que: $\bar{k}_f$ = número médio de indivíduos selecionados por matriz; σ_{kf}^2 = variância do número de indivíduos selecionados por matriz; N_f = n° de matrizes selecionadas.

A otimização da seleção em termos de maximização do ganho genético com restrição na endogamia via manutenção de um tamanho efetivo adequado, foi realizada pelo modelo 106, do *software* Selegen (RESENDE, 2002b). Este modelo trabalha sobre os valores genéticos individuais preditos. Para rodar tal modelo forneceu-se um arquivo “.txt” gerado a partir do arquivo “.res” das análises estatísticas dos modelo 110 e 4 para o caráter produção de borracha seca e diâmetro da planta a 50 cm do solo.

4.2.4. Estabilidade e adaptabilidade

A estabilidade e a adaptabilidade dos genótipos foram estudadas em três locais: Selvíria-MS, Votuporanga-SP e Colina-SP utilizando-se do método MHPRVG (média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos), que corresponde ao modelo 51 do *Software* Selegen (RESENDE, 2002b), delineamento em blocos completos em vários locais e várias observações por parcela. Dessa forma, o modelo estatístico utilizado foi:

$$y = Xr + Zg + Wp + Ti + e,$$

em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os parâmetros genéticos estimados pelo Modelo 51 foram:

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica.

$\hat{\sigma}_c^2$: variância ambiental entre parcelas.

$\hat{\sigma}_{int}^2$: variância da interação genótipo x ambiente.

$\hat{\sigma}_e^2$: variância residual.

$\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual.

$\hat{h}_g^2$ = herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$\hat{c}_{parc}^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.

$\hat{c}_{int}^2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente.

$\hat{h}_{mg}^2$: herdabilidade da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

$\hat{r}_{gg}$: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

$\hat{r}_{gloc}$: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

CVg%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

5. RESULTADOS E DISCUSSÕES

5.1. Estimativa de parâmetros genéticos e estatísticos 2008

Nas Tabelas 2, 3, 4 e 5 estão as estimativas de parâmetros genéticos e estatísticos obtidas a partir do Modelo 110 do *Software* Selegen (RESENDE, 2002b), em que foram feitas as análises de cada local.

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos para o caráter altura total da planta (ATP) em seringueira, em três diferentes regiões, aos dois anos de idade. Análise de experimentos individuais.

Parâmetros genéticos	Colina-SP	Votuporanga-SP	Selvíria-MS
$\hat{\sigma}_g^2$	0,0403	0,0100	0,1015
$\hat{\sigma}_c^2$	0,0473	0,0233	0,0866
$\hat{\sigma}_e^2$	0,5363	0,4186	1,0775
$\hat{\sigma}_f^2$	0,6239	0,4519	1,2656
$\hat{h}_a^2$	0,1737±0,07	0,0593±0,04	0,2156±0,08
$\hat{c}_{parc}^2$	0,0758	0,0517	0,0684
$\hat{h}_{mp}^2$	0,5452	0,3145	0,6105
$\hat{r}_{aa}$	0,7384	0,5608	0,7814
$\hat{h}_{ad}^2$	0,1269	0,0402	0,1590
CVg%	8,5639	4,1653	6,6928
CVe%	13,5431	10,6285	9,2567
CVr	0,6323	0,3919	0,7230
μ (m)	2,3454	2,4014	4,7617

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genética entre progênies; $\hat{\sigma}_c^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual (ambiental + não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; $\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; $\hat{c}_{parc}^2$: Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; $\hat{h}_{mp}^2$: herdabilidade da média de progênies; $\hat{r}_{aa}$: Acurácia da seleção de progênies; $\hat{h}_{ad}^2$: herdabilidade aditiva dentro de parcela; CVg%: coeficiente de variação genotípica entre progênies; CVe%: coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa; μ = média geral

Tabela 3. Estimativas de parâmetros genéticos para o caráter diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50) em Seringueira, em três diferentes regiões, aos dois anos de idade. Análise de experimentos individuais.

Parâmetros genéticos	Colina-SP	Votuporanga -SP	Selvória-MS
$\hat{\sigma}_g^2$	0,0223	0,0032	0,2311
$\hat{\sigma}_c^2$	0,0365	0,0112	0,0296
$\hat{\sigma}_e^2$	0,5361	0,3079	1,6476
$\hat{\sigma}_f^2$	0,5948	0,3224	1,9083
$\hat{h}_a^2$	0,1006±0,05	0,0271±0,03	0,3255±0,10
$\hat{c}_{parc}^2$	0,0613	0,0348	0,0155
$\hat{h}_{mp}^2$	0,4259	0,1882	0,7811
$\hat{r}_{aa}$	0,6526	0,4338	0,8838
$\hat{h}_{ad}^2$	0,0701	0,0178	0,2367
CVg%	6,0483	2,4901	9,6888
CVe%	12,1531	9,1334	8,8741
CVr	0,4977	0,2726	1,0918
μ (cm)	2,4692	2,2466	4,9631

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genética entre progênies; $\hat{\sigma}_c^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual (ambiental + não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; $\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; $\hat{c}_{parc}^2$: Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; $\hat{h}_{mp}^2$: herdabilidade da média de progênies; $\hat{r}_{aa}$: Acurácia da seleção de progênies; $\hat{h}_{ad}^2$: herdabilidade aditiva dentro de parcela; CVg%: coeficiente de variação genotípica entre progênies; CVe%: coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa; μ = média geral

Tabela 4. Estimativas de parâmetros genéticos para o caráter forma da planta (FOP) em Seringueira, em três diferentes regiões, aos dois anos de idade. Análise de experimentos individuais.

Parâmetros genéticos	Colina-SP	Votuporanga -SP	Selvíria-MS
$\hat{\sigma}_g^2$	0,0122	0,0004	0,0292
$\hat{\sigma}_c^2$	0,0926	0,0180	0,1027
$\hat{\sigma}_e^2$	1,1263	0,2105	2,2093
$\hat{\sigma}_f^2$	1,2310	0,2289	2,3413
$\hat{h}_a^2$	0,0267±0,03	0,0044±0,01	0,0336±0,03
$\hat{c}_{parc}^2$	0,0752	0,0786	0,0439
$\hat{h}_{mp}^2$	0,1515	0,0281	0,2132
$\hat{r}_{aa}$	0,3893	0,1677	0,4617
$\hat{h}_{ad}^2$	0,0183	0,0030	0,0223
CVg%	2,7536	0,3040	4,5485
CVe%	11,6178	4,3548	15,3540
CVr	0,2370	0,0698	0,2962
μ	3,9047	4,5431	3,7103

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genética entre progênies; $\hat{\sigma}_c^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual (ambiental + não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; $\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; $\hat{c}_{parc}^2$: Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; $\hat{h}_{mp}^2$: herdabilidade da média de progênies; $\hat{r}_{aa}$: Acurácia da seleção de progênies; $\hat{h}_{ad}^2$: herdabilidade aditiva dentro de parcela; CVg%: coeficiente de variação genotípica entre progênies; CVe%: coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa; μ = média geral

Tabela 5. Estimativas de parâmetros genéticos para o caráter sobrevivência das progênes (SOP) de seringueira, em três diferentes regiões, aos dois anos de idade. Análise de experimentos individuais.

Parâmetros genéticos	Colina-SP	Votuporanga -SP	Selvória-MS
$\hat{\sigma}_g^2$	0,0146	0,0009	0,0082
$\hat{\sigma}_c^2$	0,0169	0,0181	0,0038
$\hat{\sigma}_e^2$	0,0693	0,1837	0,1144
$\hat{\sigma}_f^2$	0,1008	0,2027	0,1265
$\hat{h}_a^2$	0,3900±0,10	0,0114±0,02	0,1750±0,06
$\hat{c}_{parc}^2$	0,1679	0,0894	0,0300
$\hat{h}_{mp}^2$	0,6479	0,0661	0,6185
$\hat{r}_{aa}$	0,8049	0,2571	0,7864
$\hat{h}_{ad}^2$	0,3565	0,0079	0,1214
CVg%	13,6576	3,3789	10,6776
CVe%	17,4425	27,2104	14,5180
CVr	0,7830	0,1242	0,7355
μ (%)	88,5556	70,4444	85,0000

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genética entre progênes; $\hat{\sigma}_c^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual (ambiental + não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; $\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; $\hat{c}_{parc}^2$: Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; $\hat{h}_{mp}^2$: herdabilidade da média de progênes; $\hat{r}_{aa}$: Acurácia da seleção de progênes; $\hat{h}_{ad}^2$: herdabilidade aditiva dentro de parcela; CVg%: coeficiente de variação genotípica entre progênes; CVe%: coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa; μ = média geral

Pelos resultados das Tabelas 2, 3, 4 e 5 constata-se a presença considerável de variabilidade genética para os caracteres avaliados em todos os locais analisados, conforme pode ser visto pelas magnitudes do coeficiente de variação genética (CVg%), os quais variam de 4,16% (Votuporanga) a 8,56% (Colina), para ATP, 2,49% (Votuporanga) a 9,69% (Selvória), para DA50 e 3,38% (Votuporanga) a 13,66% (Colina) para sobrevivência das progênes (SOP). Somente para o caráter forma da planta (FOP) o CVg% foi mais baixo, variando de 0,30% (Votuporanga) a 4,55% (Selvória). Tal variabilidade genética associada aos baixos valores do coeficiente de variação experimental (CVe%) propiciaram herdabilidades individuais ($\hat{h}_a^2$) significativas e de alta magnitude. Exceto para o caráter forma da planta que as $\hat{h}_a^2$ foram baixas e não significativas. Estes

valores revelam uma situação muito favorável para a seleção e ótimas perspectivas para o programa de melhoramento genético de seringueira no Estado de São Paulo. Entretanto Votuporanga propiciou menor expressão de variabilidade genética e herdabilidade individual ($\hat{h}_a^2$) baixa para todos os caracteres avaliados, sendo a maior $\hat{h}_a^2$ da ordem de 5,93%, para ATP.

Os coeficientes de variação relativa (CVr) foram altos e conduziram a altas herdabilidades ao nível de médias de progênies ($\hat{h}_{mp}^2$) e a altas acurácias seletivas ($\hat{r}_{aa}$). Exceto para Votuporanga onde a acurácia foi de média a baixa magnitude, variando de 0,56 a 0,17. Segundo Resende (2007) nas etapas iniciais e intermediárias do melhoramento, acurácias da ordem de 70% ou mais são desejáveis.

As herdabilidades para a seleção dentro da parcela ($\hat{h}_{ad}^2$) apresentaram magnitudes similares aquelas das herdabilidades individuais nos três locais. Os coeficientes de determinação dos efeitos de parcela ($\hat{c}_{parc}^2$) foram de baixa magnitude em todos os locais, revelando que o delineamento experimental empregado foi ótimo, pois não permaneceu heterogeneidade ambiental dentro de blocos.

A significância dos efeitos de progênies, considerados aleatórios, e dos efeitos das parcelas, considerados fixos, estão nas Tabelas 6, 7 e 8, respectivamente para Colina-SP, Votuporanga-SP e Selvíria-MS.

Tabela 6. Análise de deviance (ANADEV) para os caracteres quantitativos em Colina-SP, aos dois anos de idade.

Efeitos	ATP	DA50	FOP	SOP
Progênie	5,51 [*]	2,62 ^{ns}	0 ^{ns}	11,34 ^{**}
Parcela	10,68 ^{**}	6,98 ^{**}	12,69 ^{**}	59,61 ^{**}
Modelo Completo	-	-	-	-

ATP: Altura total da planta; DA50: Diâmetro da planta a 50 cm do solo; FOP: forma da planta; SOP: Sobrevivência das progênies; Qui-quadrado tabelado: 3,84(*) e 6,63(**) para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente; ns: Não significativo ao nível de 5% de probabilidade.

Tabela 7. Análise de deviance (ANADEV) para os caracteres quantitativos em Votuporanga-SP, aos dois anos de idade.

Efeitos	ATP	DA50	FOP	SOP
Progênie	0,97 ^{ns}	0,26 ^{ns}	0 ^{ns}	0 ^{ns}
Parcela	2,88 ^{ns}	1,48 ^{ns}	9,96 ^{**}	16,47 ^{**}
Modelo Completo	-	-	-	-

ATP: Altura total da planta; DA50: Diâmetro da planta a 50 cm do solo; FOP: forma da planta; SOP: Sobrevivência das progênies; Qui-quadrado tabelado: 3,84(*) e 6,63(**) para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente; ns: Não significativo ao nível de 5% de probabilidade

Tabela 8. Análise de deviance (ANADEV) para os caracteres quantitativos em Selvíria (Fazenda de Ensino e Pesquisa da UNESP)- MS, aos dois anos de idade.

Efeitos	ATP	DA50	FOP	SOP
Progênie	7,39 ^{**}	17,72 ^{**}	0,42 ^{ns}	9,70 ^{**}
Parcela	8,40 ^{**}	0,52 ^{ns}	3,29 ^{ns}	2,40 ^{ns}
Modelo Completo	-	-	-	-

ATP: Altura total da planta; DA50: Diâmetro da planta a 50 cm do solo; FOP: forma da planta; SOP: Sobrevivência das progênies; Qui-quadrado tabelado: 3,84(*) e 6,63(**) para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente; ns: Não significativo ao nível de 5% de probabilidade

Verifica-se que os efeitos da parcela foram significativos para todos os caracteres em Colina-SP, o que significa que há heterogeneidade entre os blocos. Os efeitos de progênie não foram significativos para nenhum caráter em Votuporanga-SP. Entretanto, em Selvíria-MS, o efeito de progênie foi altamente significativo para todos os caracteres, exceto para o caráter forma da planta (FOP).

5.2. Estimativa de parâmetros genéticos e estatísticos 2009

Nas Tabelas 9, 10, 11 e 12 estão as estimativas de parâmetros genéticos e estatísticos obtidas a partir do Modelo 110 para caracteres quantitativos, pelo *Software* Selegen (RESENDE, 2002b), em que foram feitas as análises de cada local.

Tabela 9. Estimativas de parâmetros genéticos para o caráter altura total da planta (ATP) em seringueira, em três diferentes regiões. Análise de experimentos individuais, aos três anos de idade.

Parâmetros genéticos	Colina-SP	Votuporanga-SP	Selvíria-MS
$\hat{\sigma}_g^2$	0,0496	0,0197	0,0947
$\hat{\sigma}_c^2$	0,2390	0,0398	0,1318
$\hat{\sigma}_e^2$	1,1413	0,7927	1,5723
$\hat{\sigma}_f^2$	1,4299	0,8521	1,7989
$\hat{h}_a^2$	0,0931±0,05	0,0621±0,05	0,1414±0,06
$\hat{c}_{parc}^2$	0,1672	0,0467	0,0733
$\hat{h}_{mp}^2$	0,2963	0,3316	0,4956
$\hat{r}_{aa}$	0,5443	0,5758	0,7040
$\hat{h}_{ad}^2$	0,0733	0,0419	0,1016
CVg%	4,7019	2,3756	6,9414
CVe%	12,5936	5,8254	7,3432
CVr	0,3734	0,4078	0,9453
μ (m)	4,7203	5,9192	8,0003

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genética entre progênies; $\hat{\sigma}_c^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual (ambiental + não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; $\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; $\hat{c}_{parc}^2$: Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; $\hat{h}_{mp}^2$: herdabilidade da média de progênies; $\hat{r}_{aa}$: Acurácia da seleção de progênies; $\hat{h}_{ad}^2$: herdabilidade aditiva dentro de parcela; CVg%: coeficiente de variação genotípica entre progênies; CVe%: coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa; μ = média geral

Tabela 10. Estimativas de parâmetros genéticos para o caráter diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50) em seringueira, em três diferentes regiões. Análise de experimentos individuais aos três anos de idade.

Parâmetros genéticos	Colina-SP	Votuporanga -SP	Selvíria-MS
$\hat{\sigma}_g^2$	0,1541	0,0023	0,3076
$\hat{\sigma}_c^2$	0,1154	0,0152	0,0132
$\hat{\sigma}_e^2$	2,0793	0,9728	3,3281
$\hat{\sigma}_f^2$	2,3488	0,9902	3,6489
$\hat{h}_a^2$	0,1764±0,07	0,0061±0,01	0,2265±0,08
$\hat{c}_{\text{parc}}^2$	0,0491	0,0154	0,0036
$\hat{h}_{\text{mp}}^2$	0,5885	0,0568	0,7273
$\hat{r}_{\text{aa}}$	0,7671	0,2383	0,8528
$\hat{h}_{\text{ad}}^2$	0,1251	0,0039	0,1559
CVg%	7,8670	0,7511	3,8470
CVe%	11,3890	6,2748	6,7195
CVr	0,6908	0,1197	0,5725
μ (cm)	4,9916	5,3329	7,9952

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genética entre progênies; $\hat{\sigma}_c^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual (ambiental + não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; $\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; $\hat{c}_{\text{parc}}^2$: Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; $\hat{h}_{\text{mp}}^2$: herdabilidade da média de progênies; $\hat{r}_{\text{aa}}$: Acurácia da seleção de progênies; $\hat{h}_{\text{ad}}^2$: herdabilidade aditiva dentro de parcela; CVg%: coeficiente de variação genotípica entre progênies; CVe%: coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa; μ = média geral

Tabela 11. Estimativas de parâmetros genéticos para o caráter produção de borracha seca (PBS) em g/planta em seringueira, em três diferentes regiões. Análise de experimentos individuais aos três anos de idade.

Parâmetros genéticos	Colina-SP	Votuporanga -SP	Selvíria-MS
$\hat{\sigma}_g^2$	147,5892	27,0198	574,7824
$\hat{\sigma}_c^2$	16,8738	1,8163	9,1358
$\hat{\sigma}_e^2$	392,4232	155,5490	1441,1838
$\hat{\sigma}_f^2$	556,8863	184,3851	2025,1020
$\hat{h}_a^2$	0,7122±0,21	0,3938±0,12	0,7628±0,22
$\hat{c}_{parc}^2$	0,0303	0,0099	0,0045
$\hat{h}_{mp}^2$	0,8875	0,8235	0,9938
$\hat{r}_{aa}$	0,9421	0,9075	0,9969
$\hat{h}_{ad}^2$	0,6346	0,2931	0,6730
CVg%	20,8284	23,0314	25,3094
CVe%	23,2930	34,4411	26,5650
CVr	0,8942	0,6687	0,9527
μ	58,3270	22,5693	94,7264

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genética entre progênies; $\hat{\sigma}_c^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual (ambiental + não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; $\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; $\hat{c}_{parc}^2$: Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; $\hat{h}_{mp}^2$: herdabilidade da média de progênies; $\hat{r}_{aa}$: Acurácia da seleção de progênies; $\hat{h}_{ad}^2$: herdabilidade aditiva dentro de parcela; CVg%: coeficiente de variação genotípica entre progênies; CVe%: coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa; μ = média geral

Tabela 12. Estimativas de parâmetros genéticos para o caráter sobrevivência das progênes (SOP) de seringueira, em três diferentes regiões. Análise de experimentos individuais aos três anos de idade.

Parâmetros genéticos	Colina-SP	Votuporanga -SP	Selvíria-MS
$\hat{\sigma}_g^2$	0,0003	0,0006	0,0093
$\hat{\sigma}_c^2$	0,0312	0,0190	0,0031
$\hat{\sigma}_e^2$	0,0855	0,1880	0,1174
$\hat{\sigma}_f^2$	0,1170	0,2076	0,1298
$\hat{h}_a^2$	0,0059±0,01	0,0076±0,01	0,1933±0,07
$\hat{c}_{parc}^2$	0,2667	0,0914	0,0239
$\hat{h}_{mp}^2$	0,0190	0,0446	0,6537
$\hat{r}_{aa}$	0,1380	0,2113	0,8085
$\hat{h}_{ad}^2$	0,0051	0,0053	0,1343
CVg%	1,3190	2,5808	11,4325
CVe%	23,0567	28,0706	14,4038
CVr	0,0572	0,0919	0,7937
μ (%)	86,5600	69,4400	84,5600

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genética entre progênes; $\hat{\sigma}_c^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual (ambiental + não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; $\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; $\hat{c}_{parc}^2$: Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; $\hat{h}_{mp}^2$: herdabilidade da média de progênes; $\hat{r}_{aa}$: Acurácia da seleção de progênes; $\hat{h}_{ad}^2$: herdabilidade aditiva dentro de parcela; CVg%: coeficiente de variação genotípica entre progênes; CVe%: coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa; μ = média geral

Pelos resultados das Tabelas 9, 10, 11 e 12 constata-se a presença considerável de variabilidade genética para os caracteres avaliados em todos os locais analisados, aos três anos de idade, conforme pode ser visto pelas magnitudes do coeficiente de variação genética (CVg%), os quais variam de 2,38 (Votuporanga) a 6,94% (Selvíria), para ATP, 0,75 (Votuporanga) a 7,87% (Colina), para DA50 e 1,32 (Colina) a 11,43% (Selvíria) para sobrevivência das progênes (SOP). O caráter forma da planta não foi recalculado pois é um caráter constante e, portanto, não precisou ser reavaliado. Votuporanga continuou a propiciar a menor expressão de variabilidade genética e herdabilidade individual ($\hat{h}_a^2$) baixa para todos os caracteres avaliados. Entretanto estes valores

ainda revelam uma situação muito favorável para a seleção mesmo que o coeficiente de variação genética (CVg%) tenha diminuído na avaliação aos três anos de idade.

O valor do CVg(%) da PBS corrobora com estudos feitos em Votuporanga-SP por Costa et al. (2000a, 2008), Gonçalves et al. (1998b, 2009), Boock et al. (1995) e Moreti et al., (1994). Tal variabilidade genética associada aos baixos valores do coeficiente de variação experimental (CVe%) propiciaram herdabilidades individuais ($\hat{h}_a^2$) significativas e de moderada magnitude. Estes valores revelam uma situação muito favorável para a seleção e ótimas perspectivas para o programa de melhoramento genético de seringueira no Estado de São Paulo.

Altas herdabilidades ao nível de médias de progênes ($\hat{h}_{mp}^2$) e a altas acurácias seletivas ($\hat{r}_{aa}$) foram encontradas para o caráter PBS o que propiciará altos ganhos genéticos de seleção.

As herdabilidades para a seleção dentro da parcela ($\hat{h}_{ad}^2$) apresentaram magnitudes similares aquelas das herdabilidades individuais nos três locais. Os coeficientes de determinação dos efeitos de parcela ($\hat{c}_{parc}^2$) foram de baixa magnitude em todos os locais e para todos os caracteres revelando que o delineamento experimental empregado foi ótimo, pois não permaneceu heterogeneidade ambiental dentro de blocos.

A significância dos efeitos de progênes, considerados aleatórios, e dos efeitos das parcelas, considerados fixos, estão nas Tabelas 13, 14 e 15, respectivamente para Colina-SP, Votuporanga-SP e Selvíria-MS.

Tabela 13. Análise de deviance (ANADEV) para os caracteres quantitativos em Colina-SP, aos três anos de idade.

Efeitos	ATP	DA50	FOP	PBS	SOP
Progênie	1,05 ^{ns}	6,78 ^{**}	0 ^{ns}	24,60 ^{**}	0 ^{ns}
Parcela	36,04 ^{**}	4,34 [*]	12,69 ^{**}	0,61 ^{ns}	117,87 ^{**}
Modelo Completo	-	-	-	-	-

ATP: Altura total da planta; DA50: Diâmetro da planta a 50 cm do solo; FOP: forma da planta; PBS: Produção de borracha seca; SOP: Sobrevivência das progênes; Qui-quadrado tabelado: 3,84(*) e 6,63(**) para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente; ns: Não significativo ao nível de 5% de probabilidade.

Tabela 14. Análise de deviance (ANADEV) para os caracteres quantitativos em Votuporanga-SP, aos três anos de idade.

Efeitos	ATP	DA50	FOP	PBS	SOP
Progênie	1,03 ^{ns}	18,39 ^{**}	0,01 ^{ns}	18,41 ^{**}	0 ^{ns}
Parcela	2,75 [*]	0,10 ^{ns}	9,96 ^{**}	0,12 ^{ns}	18,15 ^{**}
Modelo Completo	-	-	-	-	-

ATP: Altura total da planta; DA50: Diâmetro da planta a 50 cm do solo; FOP: forma da planta; PBS: Produção de borracha seca; SOP: Sobrevivência das progênies; Qui-quadrado tabelado: 3,84(*) e 6,63(**) para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente; ns: Não significativo ao nível de 5% de probabilidade

Tabela 15. Análise de deviance (ANADEV) para os caracteres quantitativos em Selvíria (Fazenda de Ensino e Pesquisa da UNESP)- SP, aos três anos de idade

Efeitos	ATP	DA50	FOP	PBS	SOP
Progênie	15,65 ^{**}	4,04 [*]	0,42 ^{ns}	60,49 ^{**}	11,80 ^{**}
Parcela	0,02 ^{ns}	9,15 ^{**}	3,29 ^{ns}	0,14 ^{ns}	1,58 ^{ns}
Modelo Completo	-	-	-	-	-

ATP: Altura total da planta; DA50: Diâmetro da planta a 50 cm do solo; FOP: forma da planta; PBS: Produção de borracha seca; SOP: Sobrevivência das progênies; Qui-quadrado tabelado: 3,84(*) e 6,63(**) para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente; ns: Não significativo ao nível de 5% de probabilidade

Verifica-se, nas Tabelas 13, 14 e 15, que os efeitos da parcela foram significativos a quase todos os caracteres para Colina-SP, o que significa que há heterogeneidade entre os blocos, entretanto essa heterogeneidade não foi verificada para o caráter produção de borracha seca (PSB). Para os efeitos de progênies o caráter DA50 e PBS foram significativos para os três locais.

A ATP e SOP foram significativos, para os efeitos de progênies, somente em Selvíria. Observou-se que os efeitos de progênie não foram significativos para nenhum caráter em Votuporanga-SP, na avaliação aos dois anos de idade, entretanto, aos três anos idade observou-se a significância para os efeitos de progênies para DA50 e PBS.

5.3. Ganho na seleção pelo método do Índice Multiefeitos

5.3.1. Estimativa de parâmetros genéticos (Análise conjunta)

As estimativas de parâmetros genéticos para o caráter **produção borracha seca** em progênies de seringueira, em três diferentes regiões aos três anos de idade pela análise conjunta dos experimentos a partir do Modelo 4 do *software* Selegen (RESENDE, 2002b) estão na Tabela 16.

Tabela 16. Estimativas de parâmetros genéticos da análise conjunta dos experimentos (Modelo 4) para o caráter produção borracha seca (PBS) em progênies de seringueira, em três diferentes locais (Colina-SP, Votuporanga-SP e Selvíria-MS), aos três anos de idade.

Parâmetros genéticos	PBS
$\hat{\sigma}_a^2$	623,6305
$\hat{\sigma}_c^2$	25,8120
$\hat{\sigma}_{int}^2$	87,4370
$\hat{\sigma}_e^2$	95,2916
$\hat{\sigma}_f^2$	832,1710
$\hat{h}_a^2$	0,7494 $\pm$ 0,14
$\hat{c}_{parc}^2$	0,0310
$\hat{c}_{int}^2$	0,1051
$\hat{h}_{mp}^2$	0,8029
$\hat{r}_{aa}$	0,8961
$\hat{h}_{ad}^2$	0,8307
$\hat{r}_{gloc}$	0,6407
PEV	30,7271
SEP	5,5432
μ (g/planta)	58,5453

$\hat{\sigma}_a^2$: variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_c^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_{int}^2$: variância da interação genótipo x ambiente; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual; $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; $\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; $\hat{c}_{parc}^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; $\hat{c}_{int}^2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente; $\hat{h}_{mp}^2$: herdabilidade da média de progênies; $\hat{r}_{aa}$: acurácia da seleção de progênies; $\hat{h}_{ad}^2$: herdabilidade aditiva dentro de parcela; $\hat{r}_{gloc}$: correlação genotípica entre o desempenho das progênies nos vários ambientes; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênies; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênies; μ : Média geral do experimento.

A herdabilidade individual no sentido restrito ($\hat{h}_a^2$), a da média das progênies ($\hat{h}_{mp}^2$) e a aditiva dentro de parcela ($\hat{h}_{ad}^2$) mostraram-se de alta magnitude. A acurácia da seleção de progênies ($\hat{r}_{aa}$) foi de alta magnitude. Verardi et al. (2009) encontraram herdabilidade da média de progênies ($\hat{h}_{mp}^2$) e acurácia ($\hat{r}_{aa}$) de magnitudes 0,4158 e 0,6448, respectivamente. A correlação genotípica

entre o desempenho das progênies nos vários ambientes ($\hat{r}_{gloc}$) foi de moderada magnitude (0,6407), revelando um alto nível de interação simples, o que indica que a classificação das progênies nos ambientes pode ser a mesma; ou seja, uma progênie que pode ser classificada como de alta produtividade em Selvíria-MS pode ser em Colina-SP ou em Votuporanga-SP. Isso por ser observado na Tabela 25.

As estimativas de parâmetros genéticos para o caráter diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50) em progênies de seringueira, em três diferentes regiões, aos dois e três anos de idade, a partir da análise conjunta dos experimentos utilizando-se o modelo 4 do *Software* Selegen (RESENDE, 2002b) estão na Tabela 17.

Tabela 17. Estimativas de parâmetros genéticos para o caráter diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50) em progênies de seringueira, em três diferentes regiões, aos dois e três anos de idade. Análise conjunta dos experimentos (Modelo 4).

Estimativas	2 anos	3 anos
$\hat{\sigma}_a^2$	0,0658	0,0893
$\hat{\sigma}_c^2$	0,0270	0,0335
$\hat{\sigma}_{int}^2$	0,0658	0,1362
$\hat{\sigma}_e^2$	0,8098	2,1458
$\hat{\sigma}_f^2$	0,9684	2,4047
$\hat{h}_a^2$	0,0680±0,03	0,0371± 0,02
$\hat{c}_{parc}^2$	0,0279	0,0139
$\hat{c}_{int}^2$	0,0679	0,0566
$\hat{h}_{mp}^2$	0,3232	0,2326
$\hat{r}_{aa}$	0,5685	0,4822
$\hat{h}_{ad}^2$	0,0575	0,0303
$\hat{r}_{gloc}$	0,2001	0,1409
PEV	0,0111	0,0171
SEP	0,1055	0,1309
μ	3,2270	6,1089

$\hat{\sigma}_a^2$: variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_c^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_{int}^2$: variância da interação genótipo x ambiente; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual; $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; $\hat{h}_a^2$: herdabilidade individual no sentido restrito; $\hat{c}_{parc}^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; $\hat{c}_{int}^2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente; $\hat{h}_{mp}^2$: herdabilidade da média de progênies; $\hat{r}_{aa}$: acurácia da seleção de progênies; $\hat{h}_{ad}^2$: herdabilidade aditiva dentro de parcela; $\hat{r}_{gloc}$: correlação genotípica entre o desempenho das progênies nos vários ambientes; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênies; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênies; μ : Média geral do experimento.

Observa-se na Tabela 17 que a variância da interação genótipo x ambiente ($\hat{\sigma}_{int}^2$) e a média geral do experimento (μ) são os únicos parâmetros com que o valor aumenta do segundo para o terceiro ano, os demais tendem a diminuir. As herdabilidades individuais ($\hat{h}_a^2$) embora sejam baixas, foram consideradas significativas. A correlação genotípica entre o desempenho das progênies nos vários ambientes ($\hat{r}_{gloc}$) foi de baixa magnitude (0,2001 e 0,1409), revelando um alto

nível de interação complexa, o que indica que a classificação das progênies através dos ambientes não necessariamente será a mesma; ou seja, uma progênie que pode ser selecionada com um diâmetro bom (alto vigor) em Selvíria-MS não necessariamente a será em Colina-SP ou em Votuporanga-SP. Isso por ser observado nas Tabelas 25 e 26.

5.3.2. Seleção das melhores progênies sem restrição ao tamanho efetivo populacional

Ao ser feita a análise estatística conjunta pelo modelo 4 do *software* Selegen, os dados dos três locais foram codificados em nove blocos, sendo realizados da seguinte forma: Bloco um a três, corresponde a Selvíria-MS; Bloco quatro a seis, corresponde a Votuporanga-SP; Bloco sete a nove, corresponde a Colina-SP. Porque o vetor r , de acordo com o modelo matemático, contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Na Tabela 18 estão os resultados da seleção de indivíduos para a composição de um pomar clonal de sementes, com base na análise conjunta de todos os locais usando o Modelo 4 do *Software* Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2002b) a partir do caráter diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50).

Tabela 18. Seleção dos 20 melhores indivíduos de seringueira nos três diferentes locais, para o caráter diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50) aos dois anos de idade, com base nos efeitos aditivos (a), valores genéticos aditivos (u+a), efeitos de dominância (d) e efeitos genotípicos totais (g), sem restrição ao tamanho efetivo populacional (Ne).

Ordem	Bloco	Progênie	Árvore	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	Ne	d	g
1	1	IAC 15	7	8,12	0,24	3,47	0,24	3,47	1,00	0,11	0,34
2	1	IAC 41	1	7,80	0,23	3,46	0,24	3,46	2,00	0,11	0,34
3	2	IAN 873	10	7,16	0,21	3,44	0,23	3,45	3,00	0,07	0,28
4	2	IAN 873	6	7,10	0,21	3,43	0,22	3,45	3,49	0,07	0,27
5	2	IAC 41	6	7,58	0,20	3,43	0,22	3,45	4,11	0,09	0,29
6	5	IRCA 111	9	3,98	0,20	3,42	0,21	3,44	5,08	0,05	0,25
7	2	IAN 873	8	6,91	0,19	3,42	0,21	3,44	5,31	0,06	0,25
8	3	IAC 15	5	7,64	0,19	3,42	0,21	3,44	6,00	0,08	0,27
9	2	IRCA 111	2	6,88	0,19	3,42	0,21	3,43	6,72	0,05	0,24
10	1	IRCA 111	2	6,68	0,19	3,42	0,21	3,43	7,10	0,05	0,24
11	1	IRCA 111	6	6,68	0,19	3,42	0,20	3,43	7,23	0,05	0,24
12	1	IRCA 111	9	6,68	0,19	3,42	0,20	3,43	7,20	0,05	0,24
13	1	IRCA 111	10	6,68	0,19	3,42	0,20	3,43	7,07	0,05	0,24
14	3	PB 252	3	7,77	0,19	3,41	0,20	3,43	7,86	0,09	0,27
15	1	IAN 873	1	6,68	0,19	3,41	0,20	3,43	8,18	0,05	0,24
16	1	IAN 873	3	6,68	0,19	3,41	0,20	3,43	8,35	0,05	0,24
17	7	IAN 873	3	4,14	0,18	3,41	0,20	3,42	8,39	0,05	0,23
18	9	IAC 15	10	4,14	0,18	3,41	0,20	3,42	8,92	0,07	0,25
19	3	IAN 873	9	6,78	0,18	3,41	0,20	3,42	8,88	0,05	0,23
20	8	IRCA 111	4	3,82	0,18	3,41	0,20	3,42	8,89	0,04	0,22

f: Valor fenotípico observado; u = média geral = 3,23 cm

Constata-se que o melhor indivíduo para o caráter diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50), dentre todos avaliados nos três locais, pertence à progênie IAC 15 e encontra-se no bloco um, ou seja, local um que é Selvíria-MS. Seu valor fenotípico observado (f) é de 8,12 cm e seu valor genético aditivo é de 3,47. Assim, em uma reprodução via sementes desse indivíduo, metade desse valor genético aditivo será transmitido para a sua descendência. O efeito genotípico ($g = 0,34$) desse indivíduo somado à média geral (3,23, conforme Tabela 18) fornece o valor genotípico ou valor clonal do mesmo, que no caso é de 3,57.

A seleção dos 20 melhores indivíduos para estabelecimento de um pomar de sementes conduzirá a um ganho genético de 0,20 cm sobre a média geral (3,23) e a média da população melhorada em uma próxima geração de plantio será de 3,42; o ganho genético será de 6,20%. Esses 20 indivíduos selecionados estão associados a um tamanho efetivo ou genético de população igual a 8,89. Esse se refere ao número equivalente em termos de indivíduos não aparentados. O Número

efetivo (8) é menor do que o número físico (20) porque vários desses indivíduos são meios-irmãos devido ao fato de pertencerem à mesma progênie. Por exemplo, a progênie 9 contribuiu com sete indivíduos. Com esse N_e , o coeficiente de endogamia ou de endocruzamento associado às sementes produzidas no pomar é de $F = [1/(2N_e)] 100 = 5,62\%$. Nos testes experimentais de Colina-SP, Votuporanga-SP e Selvíria-MS, foi verificada a alta variabilidade genética do material, entretanto deve-se tomar precauções na hora de ser feito um pomar de sementes para a conservação genética da espécie. Para tanto deve-se realizar uma otimização da seleção com restrição do N_e , desse modo, reduzirá o coeficiente de endogamia.

A seleção dos 20 melhores indivíduos de seringueira nos três diferentes locais, para o caráter diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50) aos três anos de idade, com base nos efeitos aditivos, valores genéticos aditivos, efeitos de dominância e efeitos genotípicos totais, sem restrição ao tamanho efetivo populacional está na Tabela 19.

Tabela 19. Seleção dos 20 melhores indivíduos de seringueira nos três diferentes locais, para o caráter diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50) aos três anos de idade, com base nos efeitos aditivos (a), valores genéticos aditivos (u+a), efeitos de dominância (d) e efeitos genotípicos totais (g), sem restrição ao tamanho efetivo populacional (N_e).

Ordem	Bloco	Progênie	Árvore	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	N_e	d	g
1	1	IAC 41	1	13,08	0,24	6,35	0,24	6,35	1	0,10	0,34
2	7	IAN 873	6	9,23	0,24	6,35	0,24	6,35	2	0,07	0,31
3	1	IAC 15	7	13,21	0,23	6,34	0,24	6,35	3	0,09	0,32
4	3	IAC 40	1	13,05	0,23	6,34	0,24	6,35	4	0,10	0,33
5	7	RRIM 606	2	11,46	0,23	6,33	0,23	6,34	5	0,11	0,34
6	2	IAN 873	6	11,40	0,22	6,33	0,23	6,34	5,50	0,06	0,28
7	2	IAN 873	8	11,36	0,22	6,33	0,23	6,34	5,63	0,06	0,28
8	2	IAN 873	10	11,30	0,22	6,33	0,23	6,34	5,59	0,06	0,28
9	3	IAN 873	5	11,36	0,22	6,33	0,23	6,34	5,47	0,06	0,28
10	2	IAC 41	6	12,45	0,22	6,33	0,23	6,34	6,15	0,08	0,30
11	8	IAN 873	2	8,59	0,22	6,32	0,23	6,34	6,00	0,05	0,27
12	9	IAC 40	9	9,07	0,21	6,32	0,23	6,33	6,67	0,08	0,29
13	4	IAN 873	4	7,70	0,20	6,31	0,22	6,33	6,48	0,04	0,24
14	7	IAN 873	3	7,80	0,20	6,31	0,22	6,33	6,29	0,04	0,24
15	3	IAN 873	9	10,50	0,19	6,30	0,22	6,33	6,10	0,04	0,23
16	4	IAN 873	6	7,40	0,19	6,30	0,22	6,33	5,93	0,04	0,23
17	3	IAC 15	5	12,10	0,19	6,30	0,22	6,33	6,50	0,07	0,26
18	1	IAN 873	3	10,22	0,19	6,30	0,21	6,32	6,31	0,04	0,23
19	9	IAC 15	10	7,96	0,19	6,30	0,21	6,32	6,79	0,07	0,26
20	8	IRCA 111	4	8,91	0,19	6,30	0,21	6,32	7,45	0,07	0,26

f: Valor fenotípico observado; u = média geral = 6,11 cm

Constatou-se que o melhor indivíduo para o caráter diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50), dentre todos avaliados nos três locais, aos três anos de idade, pertence à progênie do clone IAC 41 e encontra-se no bloco um, ou seja, local um que é Selvíria-MS. Seu valor fenotípico observado (f) é de 13,08 cm e seu valor genético aditivo ($u+a$) é de 6,35. Assim, em uma reprodução via sementes desse indivíduo, metade desse valor genético aditivo será transmitida para a sua descendência. O efeito genotípico ($g = 0,34$) desse indivíduo somado à média geral (6,11, conforme Tabela 19) fornece o valor genotípico ou valor clonal do mesmo, que no caso é de 6,45.

A seleção dos 20 melhores indivíduos para estabelecimento de um pomar de sementes conduzirá a um ganho genético de 0,21 cm sobre a média geral (6,11) e a média da população melhorada em uma próxima geração de plantio será de 6,32 cm. O ganho genético será de 3,44%. Esses 20 indivíduos selecionados estão associados a um tamanho efetivo ou genético de população igual a 7,45. Esse se refere ao número equivalente em termos de indivíduos não aparentados. O Número efetivo (7) é menor do que o número físico (20) porque vários desses indivíduos são meios-irmãos devido ao fato de pertencerem à mesma progênie. Por exemplo, a progênie 20 contribuiu com onze indivíduos. Com esse N_e , o coeficiente de endogamia ou de endocruzamento associado às sementes produzidas no pomar é de $F = [1/(2N_e)]100 = 6,71\%$.

A seleção dos 20 melhores indivíduos de seringueira nos três diferentes locais, para o caráter produção de borracha seca (g/planta) aos três anos de idade, com base nos efeitos aditivos, valores genéticos aditivos, efeitos de dominância e efeitos genotípicos totais. Sem restrição ao tamanho efetivo populacional está na Tabela 20.

Tabela 20. Seleção dos 20 melhores indivíduos de seringueira nos três diferentes locais, para o caráter produção de borracha seca (g/planta) aos três anos de idade, com base nos efeitos aditivos (a), valores genéticos aditivos (u+a), efeitos de dominância (d) e efeitos genotípicos totais (g), sem restrição ao tamanho efetivo populacional (Ne).

Ordem	Bloco	Progênie	Árvore	F	a	u+a	Ganho	Nova Média	Ne	d	g
1	3	RRIM 701	10	230,30	92,70	151,25	92,70	151,25	1	57,69	150,39
2	2	IAN 873	8	206,20	89,25	147,80	90,98	149,52	2	57,09	146,34
3	3	PB 28/59	10	223,60	88,67	147,22	90,21	148,75	3	49,09	137,77
4	3	IAC 40	8	216,50	84,25	142,80	88,72	147,26	4	56,01	140,26
5	1	PR 261	10	187,70	74,46	133,01	85,87	144,41	5	41,27	115,73
6	3	IAC 40	4	203,80	73,70	132,25	83,84	142,39	5,50	48,97	122,67
7	1	IAC 40	4	175,30	70,61	129,16	81,95	140,50	5,63	46,91	117,52
8	1	GT1	8	185,80	70,27	128,82	80,49	139,04	6,62	32,74	103,01
9	2	PB 28/59	9	186,30	69,66	128,20	79,29	137,83	7,25	36,42	106,08
10	1	RRIM 600	6	174,00	68,04	126,58	78,16	136,71	8,23	45,55	113,58
11	5	Fx 2261	7	110,32	67,01	125,56	77,15	135,69	9,21	45,24	112,25
12	1	RRIM 606	6	178,00	65,93	124,48	76,21	134,76	10,19	36,31	102,24
13	3	PB 252	9	189,10	64,12	122,66	75,28	133,83	11,18	41,72	105,83
14	3	IAC 311	9	175,40	60,03	118,57	74,19	132,74	12,17	42,90	102,93
15	3	IAC 41	4	186,30	59,90	118,44	73,24	131,79	13,16	32,91	92,81
16	2	IAC 41	7	169,80	59,26	117,81	72,37	130,91	13,76	32,49	91,75
17	1	PB 217	9	160,80	57,75	116,30	71,51	130,05	14,75	32,43	90,18
18	2	1-12-56-77	4	153,00	57,44	115,99	70,73	129,27	15,73	45,29	102,74
19	1	GT1	10	168,20	55,65	114,19	69,93	128,48	16,33	23,00	78,65
20	1	IAC 301	7	154,30	54,96	113,50	69,18	127,73	17,32	34,18	89,14

f: Valor fenotípico observado; u= média geral = 58,55 g/planta

Dentre todos os indivíduos avaliados nos três locais, aos três anos de idade, constatou-se que o melhor para produção de borracha seca pertence à progênie do clone RRIM 701 e encontra-se no bloco três em Selvíria-MS. Seu valor fenotípico observado (f) é de 230,30 g/planta e seu valor genético aditivo (u+a) é de 151,25. Assim, em uma reprodução via sementes desse indivíduo, metade desse valor genético aditivo será transmitido para a sua descendência. O efeito genotípico ($g = 150,39$) desse indivíduo somado à média geral (58,55 g/planta, conforme Tabela 20) fornece o valor genotípico ou valor clonal do mesmo, que no caso é de 208,94 g/planta.

A seleção dos 20 melhores indivíduos para estabelecimento de um pomar de sementes conduzirá a um ganho genético de 69,18 g/planta sobre a média geral (58,55 g/planta) e a média da população melhorada em uma próxima geração de plantio será de 127,73 g/planta. O ganho genético será de 118,15%. Esses 20 indivíduos selecionados estão associados a um tamanho efetivo de população (Ne) igual a 17,32. Esse se refere ao número equivalente em termos de indivíduos não

aparentados. O Número efetivo (17) é menor do que o número físico (20) porque vários desses indivíduos são meios-irmãos devido ao fato de pertencerem à mesma progênie. Por exemplo, a progênie 2 contribuiu com três indivíduos. Com esse N_e , o coeficiente de endogamia ou de endocruzamento associado às sementes produzidas no pomar é de $F = [1/(2N_e)]100 = 2,87\%$.

5.3.3. Otimização da seleção em função do Tamanho efetivo populacional

Foi realizada a seleção individual com restrição no número máximo de indivíduos selecionados por progênie, sendo de dois indivíduos selecionados por progênie. Para termos práticos, utilizou-se somente os dados de Selvíria-MS. Ao ser realizada a formação de um pomar de sementes, as árvores plantadas deverão ser do mesmo experimento, ou seja, compartilhar o mesmo espaço físico. Desse modo, será observado um tamanho efetivo populacional menor e consequentemente um coeficiente de endogamia maior comparado ao encontrado no item 5.3.2, pois o número de indivíduos na análise diminuiu.

Na Tabela 21 são apresentados os resultados da seleção de indivíduos para a composição de um pomar clonal de sementes, após a otimização da seleção com restrição no tamanho efetivo populacional (N_e) usando o modelo 106 do Selegen REML/BLUP.

Tabela 21. Seleção dos 20 melhores indivíduos de seringueira para o caráter produção de borracha seca (PBS) em g/planta, com base nos efeitos aditivos (a) e valores genéticos aditivos (u+a), com restrição ao tamanho efetivo populacional (N_e) em um teste de progênie aos três anos de idade, localizado em Selvíria-MS.

Ordem	Bloco	Progênie	Ortete	f	a	u+a	Ganho genético (g/planta)	Média melhorada	N_e
1	3	PB 28/59	870	223,60	87,13	181,85	87,13	181,85	1,00
2	3	RRIM 701	820	230,30	86,14	180,86	86,63	181,36	2,00
3	2	IAN 873	408	206,20	79,55	174,28	84,27	179,00	3,00
4	1	GT1	238	185,80	78,09	172,82	82,73	177,45	4,00
5	1	PR 261	220	187,70	75,44	170,16	81,27	175,99	5,00
6	3	IAC 40	808	216,50	74,35	169,08	80,12	174,84	6,00
7	2	PB 28/59	479	186,30	73,99	168,72	79,24	173,97	6,50
8	1	RRIM 606	96	178,00	68,91	163,63	77,95	172,67	7,50
9	3	IAC 40	804	203,80	67,00	161,72	76,73	171,46	8,05
10	1	GT1	240	168,20	66,81	161,54	75,74	170,47	8,64
11	2	IAC 41	517	169,80	60,50	155,23	74,35	169,08	9,63
12	3	IAC 41	874	186,30	59,99	154,72	73,16	167,88	10,23
13	1	RRIM 600	6	174,00	58,52	153,25	72,03	166,76	11,21
14	3	PB 252	739	189,10	55,39	150,11	70,84	165,57	12,20
15	2	RRIM 606	443	157,40	55,19	149,92	69,80	164,53	12,81
16	1	PB 217	229	160,80	53,61	148,34	68,79	163,51	13,79
17	2	PR 255	316	156,90	49,82	144,55	67,67	162,40	14,77
18	3	IAC 15	691	175,70	46,14	140,87	66,48	161,20	15,76
19	2	PR 255	315	148,50	45,60	140,32	65,38	160,10	16,36
20	1	IAC 301	147	154,30	45,37	140,10	64,38	159,10	17,34

f: Valor fenotípico observado; u = média geral = 94,73 g/planta.

Com a restrição admitindo no máximo dois indivíduos selecionados por progênie, o ganho genético equivaleu a 64,38 g/planta e a média da população melhorada será de 159,10 g/planta, ou seja, o ganho será de 67,96%. Costa et al. (2008) encontraram um ganho genético de 16,2% para a PBS ao contrário de Costa et al. (2000) que encontraram ganhos genéticos de 28,7 a 218,7% para a PBS, e concluíram que superestimativas consideráveis de ganhos genéticos ocorrem na seleção individual, combinada e índice multiefeitos, quando não se considera o sistema reprodutivo misto para a seringueira. A seleção com base no índice multiefeitos maximiza o progresso genético e deve ser utilizada. O coeficiente de endogamia ou de endocruzamento associado às sementes produzidas

no pomar é de $F = [1/(2N_e)] \cdot 100 = 2,88\%$. Sendo assim, o método de otimização da seleção em função do tamanho efetivo populacional proporciona a formação de um pomar de produção de sementes com genótipos de melhor valor genético. A população selecionada pode ser usada com sucesso na conservação genética da espécie, por conter ainda grande variabilidade e baixa endogamia.

5.4. Estabilidade e adaptabilidade

A estimativa dos parâmetros genéticos para os caracteres avaliados em conjunto dos três locais, aos três anos de idade, pelo modelo 51 do *Software* Selegen estão na Tabela 22

Tabela 22. Estimativas de parâmetros genéticos para altura total da planta (ATP) (m), diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50) (cm), forma da planta (FOP), produção de borracha seca (PBS) (g/planta) e sobrevivência das progênes (SOP) (%), em seringueira, em três diferentes regiões aos três anos de idade. Análise conjunta dos experimentos (Modelo 51).

Estimativas	ATP	DA50	FOP	PBS	SOP
$\hat{\sigma}_g^2$	0,0060	0,0223	0,0286	155,9073	0,0005
$\hat{\sigma}_c^2$	0,1398	0,0333	0,0570	25,8059	0,0187
$\hat{\sigma}_{int}^2$	0,0486	0,1362	0,0023	87,4389	0,0014
$\hat{\sigma}_e^2$	1,1938	2,2127	1,2382	563,0178	0,1300
$\hat{\sigma}_f^2$	1,3883	2,4045	1,3261	832,1699	0,1507
$\hat{h}_g^2$	0,0043 ± 0,004	0,0093 ± 0,006	0,0215 ± 0,009	0,1873 ± 0,035	0,0034 ± 0,003
$\hat{c}_{parc}^2$	0,1007	0,0138	0,0430	0,0310	0,1243
$\hat{c}_{int}^2$	0,0350	0,0566	0,0018	0,1051	0,0096
$\hat{h}_{mg}^2$	0,1184	0,2324	0,5777	0,8029	0,1161
$\hat{r}_{gg}$	0,3441	0,4821	0,7601	0,8961	0,3407
$\hat{r}_{gloc}$	0,1106	0,1408	0,9246	0,6407	0,2670
CVg(%)	1,2511	2,4452	4,1674	21,3275	2,8572
CVe(%)	8,1952	8,2594	10,4884	15,4775	22,1871
μ	6,2125	6,1088	4,0546	58,5453	0,8029

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica; $\hat{\sigma}_c^2$: variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_{int}^2$: variância da interação genótipo x ambiente; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual; $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; $\hat{h}_g^2$ = herdabilidade individual no sentido amplo; $\hat{c}_{parc}^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; $\hat{c}_{int}^2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente; $\hat{h}_{mg}^2$: herdabilidade da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa; $\hat{r}_{gg}$: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa; $\hat{r}_{gloc}$: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes; CVg%: coeficiente de variação genotípica; CVe%: coeficiente de variação residual; μ : média geral.

Observa-se alta acurácia de seleção ($\hat{r}_{gg}$) somente para os caracteres forma da planta (FOP) e produção de borracha seca (PBS). O coeficiente de variação genética (CVg%), que expressa em porcentagem da média geral a quantidade de variação genética existente, revelou um valor moderado (21,33%) para PBS, indicando que a população pode ser considerada apropriada para o programa de melhoramento genético. Valores semelhantes de CVg(%) foram encontrados em estudos feitos em Votuporanga-SP por Gonçalves et al. (1998a, 1998b, 2005, 2009), Costa et al.

(2000a, 2008) e Boock et al. (1995). A mesma magnitude do CVg(%) foi encontrada por Gonçalves et al. (2004) e Moreti et al., (1994) em Pindorama-SP. Por outro lado Gonçalves et al. (1999) encontraram um CVg(%) de 44,21% no mesmo local.

Tal variabilidade genética encontrada associada aos baixos valores do coeficiente de variação experimental (CVe%) propiciou herdabilidade individuais ($\hat{h}_g^2$) significativa e de alta magnitude. Estes valores revelam uma situação muito favorável para a seleção e ótimas perspectivas para o programa de melhoramento genético de seringueira no Estado de São Paulo.

A significância dos efeitos genéticos aditivos e dos efeitos da interação progênes X locais na análise conjunta envolvendo os três locais foi avaliada pela análise de Deviance (ANADEV) apresentada nas Tabelas 23 e 24.

Tabela 23. Análise de deviance (ANADEV) para os caracteres quantitativos nos três diferentes locais analisados aos **dois anos de idade** (Modelo 51).

Efeitos	ATP	DA50	FOP	SOP
Progênes	0,68 ^{ns}	1,36 ^{ns}	1,11 ^{ns}	1,81 ^{ns}
Parcela	23,87 ^{**}	4,48 [*]	12,44 ^{**}	51,99 ^{**}
Progênes X Locais	8,69 ^{**}	18,23 ^{**}	0,02 ^{ns}	6,34 [*]
Modelo Completo	-	-	-	-

Qui-quadrado tabelado: 3,84(*) e 6,63(**) para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente; ns: Não significativo ao nível de 5% de probabilidade; ATP: Altura total da planta; DA50: diâmetro da planta a 50 cm do solo; FOP: forma da planta; SOP: Sobrevivência das progênes.

Tabela 24. Análise de deviance (ANADEV) para os caracteres quantitativos nos três diferentes locais analisados aos **três anos de idade** (Modelo 51).

Efeitos	ATP	DA50	FOP	PBS	SOP
Progênes	0,11 ^{ns}	0,59 ^{ns}	9,32 ^{**}	23,91 ^{**}	0,21 ^{ns}
Parcela	43,61 ^{**}	1,08 ^{ns}	12,02 ^{**}	2,15 ^{ns}	88,59 ^{**}
Progênes X Locais	3,97 [*]	16,77 ^{**}	0,07 ^{ns}	23,41 ^{**}	0,36 ^{ns}
Modelo Completo	-	-	-	-	-

Qui-quadrado tabelado: 3,84(*) e 6,63(**) para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente; ns: Não significativo ao nível de 5% de probabilidade; ATP: Altura total da planta; DA50: Diâmetro da planta a 50 cm do solo; FOP: forma da planta; PBS: Produção de borracha seca; SOP: Sobrevivência das progênes.

Verifica-se que os efeitos de progênies aos dois anos de idade não foram significativos para nenhum caráter. Porém, aos três anos de idade, os caracteres FOP e PBS foram significativos para o efeito de progênies.

Aos dois anos, os efeitos da parcela foram significativos para todos os caracteres, já aos três anos foram significativos apenas para ATP, FOP e SOP.

Para os efeitos de progênies X locais observou-se que não foi significativo apenas para FOP, aos dois anos de idade. Na avaliação do terceiro ano, observou-se que a FOP e a SOP não tiveram diferenças significativas para os efeitos de progênies X locais.

Na Tabela 25 estão os resultados referentes à seleção das 10 melhores progênies para o caráter diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50) segundo diferentes critérios de seleção conforme obtido pelo modelo 51 do *Software* Selegen (RESENDE, 2002b).

Tabela 25. Melhores progênies de seringueira selecionadas com base no diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50) aos dois anos de idade, em cada local e em todos os locais, com base na estabilidade genotípica, adaptabilidade genotípica e simultaneamente por produtividade, estabilidade e adaptabilidade.

Ordem	Colina SP	Votuporanga SP	Selvíria MS	Todos os Locais	Estabilidade (MHVG)	Adaptabilidade (PRVG)	Produtividade, Estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG)
1	3	9	9	9	20	20	20
2	26	20	12	20	9	9	9
3	15	22	20	22	22	22	22
4	8	25	25	12	3	3	3
5	20	26	22	3	26	12	12
6	10	29	3	8	8	8	8
7	1	3	8	25	12	26	26
8	2	12	11	11	25	25	25
9	4	28	24	24	2	11	11
10	22	2	16	26	11	24	24

MHVG: Média Harmônica dos valores genéticos preditos; PRVG: Performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG: Média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos preditos

Verifica-se que, dentre as 10 melhores progênies na análise conjunta de todos os locais, a 20, 22 e 3 estão dentre as dez melhores em Colina-SP, Votuporanga-SP e Selvíria-MS.

Outros ordenamentos foram obtidos explorando os conceitos de estabilidade (pequena variação na performance genotípica através dos ambientes), adaptabilidade (capacidade de resposta à melhoria do ambiente) e esses dois atributos simultaneamente e também considerando a produtividade genotípica média através dos ambientes. Para tanto, foram obtidas a média harmônica

dos valores genéticos preditos (MHVG), a performance relativa dos valores genéticos preditos em relação à média de cada ambiente (PRVG) e a média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos preditos (MHPRVG). Verifica-se pela Tabela 25 que, embora a ordem de seleção não seja exatamente a mesma, as dez melhores progênies por esses critérios coincidem com as dez melhores selecionadas com base na análise conjunta de todos os locais. Isto é ótimo, pois revela que as progênies mais produtivas são também estáveis e de grande adaptabilidade.

As progênies selecionadas para o caráter diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50) são oriundas dos clones IAN 873, IRCA 111, PR 261, IAC 41, IAC 15, PR 252, Fx 3864, PB 330, RRIM 701 e GT1.

Na Tabela 26 encontram-se as 10 melhores progênies de seringueira selecionadas com base no diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50) aos três anos de idade, em cada local e em todos os locais, com base na estabilidade genotípica, adaptabilidade genotípica e simultaneamente por produtividade, estabilidade e adaptabilidade.

Tabela 26. Melhores progênies de seringueira selecionadas com base no diâmetro da planta a 50 cm do solo (DA50) aos três anos de idade, em cada local e em todos os locais, com base na estabilidade genotípica, adaptabilidade genotípica e simultaneamente por produtividade, estabilidade e adaptabilidade.

Ordem	Colina SP	Votuporanga SP	Selvíria MS	Todos os Locais	Estabilidade (MHVG)	Adaptabilidade (PRVG)	Produtividade, Estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG)
1	20	2	12	20	20	20	20
2	10	21	9	3	2	2	3
3	15	3	8	12	3	3	2
4	2	22	20	9	10	12	12
5	1	9	25	2	21	9	9
6	19	20	3	8	12	10	21
7	7	26	22	21	9	21	10
8	4	19	24	10	15	8	8
9	3	25	26	22	8	15	15
10	12	27	16	15	1	22	22

MHVG: Média Harmônica dos valores genéticos preditos; PRVG: Performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG: Média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos preditos

Verifica-se que, dentre as 10 melhores progênies na análise conjunta de todos os locais, somente a 20 e a 3 estão dentre as dez melhores dos três locais, fato que segue a tendência da medição do segundo ano. Verifica-se pela Tabela 25 que, embora a ordem de seleção não seja exatamente a mesma, as dez melhores progênies selecionadas pelos critérios da MHVG, PRVG e

MHPRVG, coincidem com as dez melhores selecionadas com base na análise conjunta de todos os locais. Isto é ótimo, pois revela que as progênies mais produtivas são também estáveis e de grande adaptabilidade, conforme observado no segundo ano, também.

Na Tabela 27 encontram-se as 10 melhores progênies de seringueira selecionadas com base na produção de borracha seca aos três anos de idade, em cada local e em todos os locais, com base na estabilidade genotípica, adaptabilidade genotípica e simultaneamente por produtividade, estabilidade e adaptabilidade.

Tabela 27. Melhores progênies de seringueira selecionadas com base na produção de borracha seca (PBS), em cada local e em todos os locais, com base na estabilidade genotípica, adaptabilidade genotípica e simultaneamente por produtividade, estabilidade e adaptabilidade.

Ordem	Colina SP	Votuporanga SP	Selvíria MS	Todos os Locais	Estabilidade (MHVG)	Adaptabilidade (PRVG)	Produtividade, Estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG)
1	24	24	24	24	24	24	24
2	13	23	13	13	13	13	13
3	22	13	22	22	23	22	22
4	3	15	10	10	22	10	10
5	10	5	3	3	10	23	23
6	23	4	23	23	5	3	3
7	5	22	18	5	3	5	5
8	11	9	5	11	15	18	18
9	7	10	11	18	9	15	11
10	18	18	7	7	18	9	15

MHVG: Média Harmônica dos valores genéticos preditos; PRVG: Performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG: Média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos preditos

Observa-se na Tabela 27 que a ordem de produtividade das progênies variou de acordo com o ambiente. A pequena variação observada indica boa estabilidade de produção. Houve coincidência de 100% no ordenamento das cinco progênies mais produtivas pelos critérios de adaptabilidade (PRVG), estabilidade (MHVG) e de ambos simultaneamente (MHPRVG). Esse resultado é indicativo de que predições seguras sobre valores genéticos podem ser feitas com um único critério de seleção contemplando três atributos: produção, adaptabilidade e estabilidade.

Na Tabela 28 está a adaptabilidade de valores genotípicos (PRVG), estabilidade de valores genotípicos (MHVG), adaptabilidade e estabilidade de valores genotípicos (MHPRVG) para o caráter produção de borracha seca (g/planta) das 10 melhores progênies de seringueira avaliadas em três locais do Estado de São Paulo pelo modelo 51 do *Software* Selegen (RESENDE, 2002b).

Tabela 28. Adaptabilidade de valores genotípicos (PRVG), estabilidade de valores genotípicos (MHVG), adaptabilidade e estabilidade de valores genotípicos (MHPRVG) para o caráter produção de borracha seca (PBS) (g/planta) das 10 melhores progênies de seringueira avaliadas em três locais do Estado de São Paulo.

Progênie	PRVG	PRVG. μ	Progênie	MHVG	Progênie	MHPRVG	MHPRVG. μ
24	1,4591	85,4226	24	62,5090	24	1,4565	85,2689
13	1,3228	77,4459	13	56,3083	13	1,3216	77,3734
22	1,2491	73,128	23	53,7569	22	1,2489	73,1201
10	1,2309	72,0629	22	51,9256	10	1,2309	72,0616
23	1,2309	72,0618	10	51,4471	23	1,2217	71,5255
3	1,2122	70,9708	5	50,7231	3	1,2121	70,963
5	1,1806	69,1168	3	50,5409	5	1,1778	68,9559
18	1,1369	66,5622	15	50,2074	18	1,1346	66,4228
15	1,1354	66,4721	9	48,6142	11	1,1219	65,6832
9	1,1238	65,7918	18	48,4863	15	1,1203	65,5878

MHVG: Média Harmônica dos valores genéticos preditos; PRVG: Performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG: Média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos preditos; μ = média geral

De acordo com a Tabela 28, a progênie mais produtiva pelo critério da MHPRVG apresentou superioridade de 45,65% em relação à média geral dos três ambientes. Verardi et al. (2009) encontraram valores de 19% na progênie mais produtiva. O valor da MHPRVG x Média geral é o valor genotípico médio das progênies nos locais avaliados já penalizado pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade (CARBONELL et al., 2007). Pelo critério da MHPRVG, as três melhores progênies produzem entre 25 a 46% a mais em relação à média dos ambientes em que foram plantadas, o que revela boa adaptabilidade ou capacidade de resposta à melhoria do ambiente.

6. CONCLUSÃO

Os caracteres quantitativos demonstraram alta variabilidade genética nos três locais. Portanto a população de seringueira pode ser usada como um material de alta qualidade para a conservação genética da espécie.

O método da Média Harmônica da Performance Relativa do Valor Genético (MHPRVG) permitiu a seleção de progênies com alto potencial produtivo predito. As 10 progênies que demonstraram maior estabilidade e adaptabilidade nos ambientes avaliados foram oriundas dos clones GT1, PB 28/59, PR 261, RRIM 606, PB 217, IAC 41, IAC 35, PR 255, RRIM 701 e IAC 301.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALVARENGA, A. P. Potencial de Minas Gerais para produção de borracha natural. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte: Epamig, v. 28, n. 237, p. 7-11, 2007.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 46, p. 269-278, 1992.
- ASAWATRERATANAKUL, K.; ZHANG, Y.W.; WITITSUWANNAKUL, D.; WITITSUWANNAKUL, R.; TAKAHASHI, S.; RATTANAPITTAYAPORN, A.; KOYAMA, T. Molecular cloning, expression and characterization of cDNA encoding cis-prenyltransferases from *Hevea brasiliensis*: a key factor participating in natural rubber biosynthesis. **European Journal Biochemistry**, Berlin, v.270, n.23, p.4671–4680, 2003.
- BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L.A.; SILVEIRA, L.C.I.; DONDA, L.R.; FORTUNATO, A. A.; COSTA, P. M. A.; FIGUEIREDO, I. C. R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 4, 2007
- BERNARDES, M. S.; VEIGA, A. S.; FONSECA FILHO, I. I. Mercado brasileiro de borracha natural. In: BERNARDES, M. S. (Ed.). **Sangria da seringueira**. Piracicaba: Esalq, p. 365-388, 2000.
- BERNARDES, M.S.; VEIGA, A.S.; FONSECA FILHO, H. Mercado brasileiro de borracha vegetal. In: BERNARDES, M.S. (Ed.) **Sangria da seringueira**. Piracicaba: ESALQ/USP/FEALQ, P.179-205. 1990.
- BOOCK, M.V.; GONÇALVES, P.S.; BORTOLETTO, N.; MARTINS, A.L.M. Herdabilidade, variabilidade genética e ganhos genéticos para produção e caracteres morfológicos em progênies jovens de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.5, p.673-681, 1995.
- BORRALHO, N.M.G.; DUTKOWSKI, G.W. Comparison of rolling front and discrete generation breeding strategies for trees. **Canadian Journal of Forest Research** v. 28, p. 987–993, 1998.
- CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F.; RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S.; BERALDO, A. L. A.; PERINA, E. F. Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 2, p.193-201, 2007.
- CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I S. DE, VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação-MT, 2001. cap. 22, p. 673-713.

- CLEMENT-DEMANGE, A.; LEGNATE, H.; SEGUIN, M.; CARRON, M.P.; GUEN; V.L.E.; CHAPUSET T. Rubber Tree. In: Charrier A., Jacquot M., Hamon S. and Nicolas D. (eds), **Tropical Plant Breeding**. Collection Reperes, CIRAD-ORSTOM, Montpellier, France, pp. 455–480, 2000.
- COSTA, R. B.; GONÇALVES, P. DE S.; OLIVEIRA, L. C. S. DE; ARRUDA, E. J. DE; ROA, R. A. R.; MARTINS, W. J. Variabilidade genética e estimativa de herdabilidade para o caráter germinação em matrizes de *Hevea brasiliensis*. **Floresta e Ambiente**, v. 12, n. 1, p. 74-76, 2005.
- COSTA, R.B.; GONÇALVES, P.S.; RÍMOLI, A.O.; ARRUDA, E.J. Melhoramento e conservação genética aplicados ao desenvolvimento local – o caso da seringueira (*Hevea* sp.). **INTERAÇÕES, Revista Internacional de Desenvolvimento Local**, Campo Grande, v.1, n.2, p.51-58, 2001.
- COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; ARAUJO, A.J.; GONÇALVES, P.S.; MARTINS, A.L.M. Genotype-environment interaction and the number of test sites for the genetic improvement of rubber trees (*Hevea*) in São Paulo State, Brazil. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.23, 179-187, 2000a.
- COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; ARAUJO, A.J.; GONÇALVES, P. S.; HIGA, A.R. Selection and genetic gain in populations of *Hevea brasiliensis* with a mixed mating system. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.23, n.3, p.671-679, 2000b.
- COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; ARAÚJO, A.J.; GONÇALVES, P.S.; SILVA, M.A. Maximization of genetic gain in rubber tree (*Hevea*) breeding with effective size restriction. **Genetic and molecular biology**, Ribeirão Preto, v. 23, n. 2, 2000c.
- COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; ARAÚJO, A.J.; GONÇALVES, P.S.; BORTOLETTO, N. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 2, p. 381-388, 2000d.
- COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; GONÇALVES, P.S.; OLIVEIRA, L.C.S.; ÍTAVO, L.C.S.; ROA, R.A.R; Seleção simultânea para porte reduzido e alta produção de látex em seringueira. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n.03, p. 649-654, 2008.
- COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; GONÇALVES, P.S.; SILVA, M.A. Individual multivariate REML/BLUP in the presence of genotype x environment interaction in rubber tree (*Hevea*) breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.2, p.131-140, 2002.
- COTTERILL, P.P.; DEAN, C.A. **Successful Tree Breeding with Index Selection**. CSIRO Publications, East Melbourne, Australia, 1990.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Vol. 2. Viçosa: UFV, 2003. 585p.

- CRUZ, C.D.; CASTOLDI, F.L. Decomposição da interação genótipos x ambiente em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, v.38, p.422-430, 1991.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. p.103-165.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**. Fourth edition. Longman, Harlow. 464 p, 1996.
- FURLANI, R.G.M.; MORAES, M.L.T.; RESENDE, M.D.V.; FURLANI JUNIOR, E.; GONÇALVES, P.S.; VALERIO FILHO, W.V. Estimation of variance components and prediction of breeding values in rubber tree breeding using the REML/BLUP procedure **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.28, n.2, p.271-276, 2005.
- GONÇALVES, A.O.; MONTEIRO, L. L. Aptidão climática para a cultura da seringueira no estado de Minas Gerais. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte: EPAMIG, v. 28, n. 237, p. 39-43, 2007.
- GONÇALVES, P. S.; BORTOLETTO, N.; SAMBUGARO, R.; FURTADO, E. L.; BATAGLIA, O. C.; ORTOLANI, A. A.; GODOY JR, G. Desempenho de clones de seringueira de origem amazônica no planalto do Estado de São Paulo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 12, p. 1469-1477, dez. 2001.
- GONÇALVES, P. S.; CARDOSO, M. ; COLOMBO, C. A. ; ORTOLANI, A. A. ; MARTINS, A. L. M. ; SANTOS, I. C. I. . Variabilidade genética da produção anual da seringueira. Estimativas de parâmetros genéticos e estudo interação genótipo X ambiente. **Bragantia**, Campinas, v. 49, n. 2, p. 306-320, 1990.
- GONÇALVES, P. S.; CARDOSO, M.; BORTOLETTO, N. Redução do ciclo de melhoramento e seleção na obtenção de cultivares de seringueira (*Hevea* spp). **O Agrônomo**, Campinas, v.40, n.2, p.112-130, 1988.
- GONÇALVES, P. S.; SILVA, M. da S.; AGUIAR, A. T. da E.; MARTINS, M. A.; SCALOPPI JR., E.J.; GOUVÊA, L.R.L. Performance of new *Hevea* clones from IAC 400 series. **Scientia Agricola**, Piracicaba-SP, v.64, n.3, p.241-248, 2007.
- GONÇALVES, P.S.; AGUIAR, A.T.E.; COSTA, R.B.; GONÇALVES, E.C.P.; SCALOPPI Jr., E.J. Genetic variation and realized genetic gain from rubber tree improvement. **Scientia Agricola**, Piracicaba-SP, v. 66, n. 1, p. 44-51, 2009.
- GONÇALVES, P.S. Melhoramento genético da seringueira (*Hevea* spp). In: SIMPÓSIO SOBRE A CULTURA DA SERINGUEIRA NO ESTADO DE SÃO PAULO, 1, 1986, Piracicaba. **Anais...** Campinas, Fundação Cargill, p.95-123, 1986.

GONÇALVES, P.S. **Melhoramento genético da seringueira**. Campinas: Instituto Agrônomo - IAC, 42p. (Circular Técnica IAC). 1995

GONÇALVES, P.S.; BORTOLETTO, N.; CARDINAL, A.B.B.; GOUVÊA, L.R.L.; COSTA, R.B.; MORAES, M.L.T.; Age-age correlation for early selection of rubber tree genotypes in São Paulo, Brazil. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto. v.28, n.4, p.758-764, 2005a.

GONÇALVES, P.S.; MARTINS, A.L.M.; BORTOLETTO, N.; SAES, L.A. Selection and genetic gains for juvenile traits in progenies of *Hevea* in São Paulo State, Brazil. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto. v.27, n.2, p.758-764, 2004.

GONÇALVES, P.S.; BORTOLETTO, N.; SANTOS, W.R., ORTOLANI, A.A.; GOTTARDI, M.V.C.; MARTINS, A.L.M. Avaliação genética de progênies em meios-irmãos de seringueira em diferentes regiões do Estado de São Paulo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, p.1085-1095, 1998a.

GONÇALVES, P.S.; BORTOLETTO, N.; MARTINS, A.L.M.; GOTTARDI, M.V.C.; ORTOLANI, A.A. Variação genética da produção de látex e incremento do caule em progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 3, 1998b.

GONÇALVES, P.S.; CARDINAL, A.B.B.; COSTA, R.B.; BORTOLETTO, N.; GOUVÊA, L.R.L. Genetic variability and selection for laticiferous system characters in *Hevea brasiliensis* **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.28, p.414-422, 2005b.

GONÇALVES, P.S.; CARDOSO, M.; BOAVENTURA, M.A.M.; COLOMBO, C.A.; ORTOLANI, A.A. **Clones de Hevea: influência dos fatores ambientais na produção e recomendação para o plantio**. Campinas: Instituto Agrônomo, 1991. 32p. (Boletim Técnico Instituto Agrônomo de Campinas - IAC, 138).

GONÇALVES, P.S.; FURTADO, E.L.; BATAGLIA, O.C.; ORTOLANI, A.A.; MAY, A.; BELLETTI, G.O. Genetics of anthracnose panel canker disease resistance and its relationship with yield and growth character in half-sib progenies of rubber tree (*Hevea brasiliensis*). **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 22, 4, p. 583 – 598, 1999.

GONÇALVES, P.S.; MARTINS, A.L.M.; BORTOLETTO, N.; TANZINI, M.R.; Estimates of genetic parameters and correlations of juvenile characters based on open pollinated progenies of *Hevea*. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto-SP, v. 19, n.01, p. 105-111, 1996.

GONÇALVES, P.S.; MORAES, M.L.T.; BORTOLETTO, N.; COSTA, R.B.; GONÇALVES, E.C.P. Genetic variation in growth traits and yield of rubber trees (*Hevea brasiliensis*) growing in

the Brazilian state of São Paulo. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.28, n.4, p.765-772, 2005c.

GONÇALVES, P.S.; PAIVA, J. R. de; SOUZA, R. A. de. **Retrospectiva e atualidade do melhoramento genético da seringueira (*Hevea* spp.) no Brasil e países asiáticos**. Manaus: EMBRAPA-CNPSD, 1983. 69 p.

GONÇALVES, P.S.; CARDOSO, M.; COLOMBO, C.C.; ORTOLANI, A.A.; MARTINS, A.L.M.; SANTOS, I.C.I. Variabilidade genética da produção anual da seringueira: estimativas de parâmetros genéticos e estudo de interação genótipo x ambiente. **Bragantia**, Campinas, v.49, n.2, p.305-320, 1990.

HAMAKER, C.M. Plantwijdte en uitdunning bij *Hevea*. Prac-advies verslagen van het. In: **INTERNATIONAL RUBBER CONGRESS**, s.l. 1914.

HAMILTON, M. G.; POTTS, B. M. *Eucalyptus nitens* genetic parameters. **New Zealand Journal of Forestry Science**, v. 38, p. 102–119, 2008.

HO, C.Y. **Contributions to improve the effectiveness of breeding, selection and planting recommendations of *Hevea brasiliensis* Muell. Arg.** Ghent: Faculty of Agricultural Sciences, 1979. 341 p. Ph.D. Thesis.

JAYASHREE, R.; REKHA, K.; VENKATACHALAM, P.; URATSU, S.L.; DANDEKAR, A.M.; JAYASREE, P.K.; KALA, R.G.; PRIYA, P.; KUMARI, S.S.; SOBHA, S.; ASHOKAN, M.P.; SETHURAJ, M.R.; THULASEEDHARAN, A. Genetic transformation and regeneration of rubber tree (*Hevea brasiliensis* Muell. Arg.) transgenic plants with a constitutive version of an anti-oxidative stress superoxide dismutase gene. **Plant Cell Reports**, Berlin, v.22, n.3, p.201-209, 2003.

KOOTS, K.R., GIBSON, J.P., SMITH, C. et al. Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits: 1. **Heritability. Anim. Breed. Abstr.**, v.62, p.309-338, 1994.

LAVORENTI, C.; GONÇALVES, P.S.; CARDOSO, M.; BOAVENTURA, M.M.; MARTINS, A.L.M. Relação entre diferentes caracteres de plantas jovens de seringueira. **Bragantia**, Campinas, v. 49, n. 1, 1990.

LESPINASSE D.; RODIER-GOUD M.; GRIVET, L.; LECONTE, A.; LEGNATE, H.; SEGUIN, M. A saturated genetic linkage map of rubber tree (*Hevea* spp.) based on RFLP, AFLP, microsatellite, and isozyme markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.100, p.127–138, 2000.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science** 68: 193-198, 1988.

MORETI, D.; GONÇALVES, P.S.; GORGULHO, E.P.; MARTINS, A.L.M.; BORTOLETTO, N. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos esperados com a seleção de caracteres juvenis em progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.29, n.7, p.1099-1109, 1994.

MORRIS, L.E. e MANN, C.E.T. Selection and breeding. Early determination of yielding qualities of seedling. Annual Report 1931, Kuala Lumpur, **Rubber Research Institute of Malaysia**, Botanical Division, p. 166-168, 1932.

NAMKOONG, G. Introduction to quantitative genetics in forestry. Washington, USDA. Forest Service, 1979. 341p.

NIETO, V.M.; RODRIGUEZ, J. *Hevea brasiliensis* Müll. Arg. In: VOZZO, J.A. (Ed.) **Tropical Tree Seed Manual**. Part II – Species Descriptions, p.505-507, 2003.

OLIVEIRA, R.; RESENDE, M. D. V. ; DAROS, E. ; BESPALHOK FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L.; IDO, O.; KOEHLER, Henrique . Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the state of Paraná. **Crop breeding and applied biotechnology**, Viçosa, v. 5, n. 4, p. 426-434, 2005.

PAIVA, J.R. **Variabilidade enzimática em populações naturais de seringueira (*Hevea brasiliensis* (Willd. ex Adr. de Juss.) Müell. Arg.)**. 1992. 145p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.

PAIVA, J.R.; MIRANDA FILHO, J.B., SIQUEIRA, E.R.; VALOIS, A.C.C. Predição do ganho genético de alguns caracteres em seringueira em três esquemas de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.17, n.11, p.1647-1653, 1982.

PILBEAM, D.; DUTKOWSKI, G. Simulation to determine optimal wood quality sampling strategies. Pp. 211–212 In: Borralho, N.; Pereira, J.S.; Marques, C.; Coutinho, J.; Madeira, M.; Tomé, M. (Ed.), ***Eucalyptus in a Changing World. Proceedings of an IUFRO conference***, p.11–15, 2004, Aveiro, Portugal. RAIZ.

PINTO Jr, J.E.; STURION, J.A.; RESENDE, M.D.V.; RONZELLI Jr, P.R.; Avaliação simultânea de produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípica de *Eucalyptus grandis* em distintos ambientes do Estado de São Paulo. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 53, p. 79-108, 2006.

PONZONI, R.W.; NEWMAN, S. Developing breeding objectives for Australian beef-cattle production. **Animal Production**, v. 49, p. 35–47, 1989.

- PRIYADARSHAN, P. M.; GONCALVES, P. DE S. *Hevea* gene pool for breeding. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 50, p. 101–114, 2003.
- PRIYADARSHAN, P. M.; GONÇALVES, P. de S.; OMOKHAFE, K. O.; Breeding *Hevea* Rubber: In: JAIN, S.M.; PRIYADARSHAN, P.M. (eds.), **Breeding Plantation Tree Crops: Tropical Species**, Springer, New York: p.469-522, 2009
- RESENDE, M. D. V. **Métodos Estatísticos Ótimos na Análise de Experimentos de Campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. v. 1. 57 p.
- RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002a. 975p.
- RESENDE, M.D.V. Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. Colombo: EMBRAPA-Florestas, 362 p., 2007
- RESENDE, M.D.V. **Software SELEGEN - REML/BLUP**. Colombo: EMBRAPA – CNPF, 2002b. 67p. (Série documentos, 77).
- RIBON, A.A.; CENTURION, J.F.; CENTURION, M.A.P.C.; PEREIRA, G.T. Efeitos do manejo da entrelinha no desenvolvimento da seringueira (*Hevea brasiliensis*). **Revista Árvore**, Viçosa, v.25, p.303-309, 2001.
- ROSADO, P. L.; ALVARENGA, A.P.; PIRES, M.M.; DOS, D. F. . Agronegócio da borracha natural. Informe Agropecuário (Belo Horizonte), v. 28, p. 12-22, 2007.
- SANTOS, G. R.; MOTHÉ, C. G. Prospecção e perspectivas da borracha natural, *Hevea brasiliensis*. **Revista Analytica**. n. 26, 2007.
- SCAPIM, C. A.; OLIVEIRA, V. R.; BRACCINI, A. de L.; CRUZ, C. D.; ANDRADE, C. A. de B.; VIDIGAL, M. C. G. Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. **Genetic and Molecular Biology**, v. 23, n. 2, p. 387-393, 2000.
- SCHNEEBERGER, M.; BARWICK, S.A.; CROW, G.H.; HAMMOND, K.: Economic indices using breeding values predicted by BLUP. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 109, p. 180-187, 1992.
- SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y. ; VENCOVSKY, R. . Parâmetros genéticos na conservação de Cabreúva - *Myroxylon peruiferum* L. F. Allemão. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 53, p. 31-38, 1998.
- SHIMIZU, J.Y.; KAGEYAMA, P.Y.; HIGA, A.R. Procedimentos e recomendações para estudos com progênie de essências florestais. Colombo: EMBRAPA-URPFCS, 1982. 34p. Documento 11.

STURION, J. A.; RESENDE, M.D.V. Seleção de progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) para produtividade, estabilidade e adaptabilidade temporal de massa foliar. **Boletim de pesquisa florestal**, Colombo, n. 50, p. 37-51, 2005.

SUDARIC, A.; SIMIC, D.; VRATARIC, M. Characterization of genotype by environment interactions in soybean breeding programmes of Southeast Europe. **Plant Breeding**, v.125, p.191-194, 2006.

TAN, H. Estimates of genetic parameters and their implications in *Hevea* breeding. In: YAP, T.C.; GRAHAM, K.M.; SUKAMI, J. (Eds.) **Crop Improvement Research**, Proceedings 4th International Congress, SABRAO, Kuala Lumpur, p.439-446, 1981.

TAN, H.; SUBRAMANIAN, S.A. A five-parent diallel cross analysis for certain characters of young *Hevea* seedlings. In: **INTERNACIONAL RUBBER CONFERENCE**, Kuala Lumpur, 1975. Proceedings... v. 2, p. 13-16, 1976.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 426 p, 1992.

VERARDI, C.K.; RESENDE, M.D.V.; COSTA, R.B.; GONÇALVES, P.S. Adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha e seleção em progênies de seringueira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, V. 44, n. 10, p.1277-1282, 2009.

ZENI NETO, H.; OLIVEIRA, R.A. de; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J.C.; ZAMBON, J.L.C.; IDO, O.T.; WEBER, H. Seleção para produtividade, estabilidade e adaptabilidade de clones de cana-de-açúcar em três ambientes no Estado do Paraná via modelos mistos. **Scientia Agraria**, v.9, p.425-430, 2008.

ZOBEL, B.; TALBERT, J. **Applied forest tree improvement**. New York: John Wiley, p. 505, 1984.