

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS vs. SELEÇÃO
CLONAL NAS FASES INICIAIS DO
MELHORAMENTO DA BATATA**

LEANDRO SANTOS PEIXOUTO

2009

LEANDRO SANTOS PEIXOUTO

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS vs. SELEÇÃO CLONAL NAS FASES
INICIAIS DO MELHORAMENTO DA BATATA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de “Mestre”.

Orientador

Prof. Dr. César Augusto Brasil Pereira Pinto

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
2009

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca Central da UFLA**

Peixoto, Leandro Santos.

Seleção de famílias vs. seleção clonal nas fases iniciais do
melhoramento da batata / Leandro Santos Peixoto. – Lavras :
UFLA, 2009.

86 p. : il.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2009.

Orientador: César Augusto Brasil Pereira Pinto.

Bibliografia.

1. *Solanum tuberosum* L. 2. Seleção precoce. 3. REML/BLUP.
4. Melhoramento genético. I. Universidade Federal de Lavras. II.
Título.

CDD – 583.95213
– 635.215233

LEANDRO SANTOS PEIXOUTO

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS vs. SELEÇÃO CLONAL NAS FASES
INICIAIS DO MELHORAMENTO DA BATATA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em 27 de fevereiro de 2009

Prof. Dr. Daniel Furtado Ferreira

UFLA

Prof. Dr. Marcos Deon Vilela de Resende

Embrapa Florestas/UFV

Prof. Dr. César Augusto Brasil Pereira Pinto
UFLA
(Orientador)

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL

Dedico o presente trabalho e a conquista deste título a minha linda esposa YSLAI e ao fruto desse nosso amor, minha filhinha sapeca, YSALI. Amo 'muitão' vocês duas. Todas as conquistas alcançadas são por nós três, para um futuro melhor juntos.

Amor, as dificuldades no nosso caminho são aprendizados que nos serão úteis na colheita dos bons e doces frutos de nossa caminhada pela Terra. Sem elas não saberíamos quão bom é a felicidade plena e a felicidade de ter alguém a quem amar e dedicar sua vida.

AMO-TE ETERNAMENTE

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida e as oportunidades de evoluir intelectualmente e por confiar a mim um destino.

À Capes pela concessão de bolsas de estudos.

A UFBA/UFRB, pelo título de Engenheiro Agrônomo e à UFLA, pela oportunidade de obter o título de mestre.

Ao professor César Augusto Brasil Pereira Pinto, pela orientação.

Aos professores: Magno, João Bosco, César Brasil, João Cândido, Elaine, Maluf e Antonio Carlos, pelos conhecimentos transmitidos durante o curso.

Ao Marcos Deon, pelo auxílio e dedicação nas análises dos dados.

Aos Batateiros: Alex, Andre Lepre, Guilherme, César ‘Peruano’, Diogo, Cristiana, Mary, Isabel, Monik, André Realino, Luis Paulo ‘Paulista’ e Kaio, pelo companheirismo, amizade e ajuda nas conduções dos experimentos.

Ao Raimundo, pela dedicação aos experimentos do programa e amizade.

Aos colegas do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas e funcionários, pela convivência, auxílio e troca de experiência.

A Dr. Orlando Passos e Dr. Walter Soares, pelo incentivo, apoio e conhecimento prático em genética, base para minha paixão na área.

A minha mãe, Edna, por ter me ensinado a viver para o mundo; a minha linda irmã, Livia por fazer parte da minha vida e me dar dois lindos sobrinhos, Xande e Tiaguinho e a minha tia Elza, pelo carinho e apoio.

Aos meus padrinhos “Titio” (*in memoriam*) e Tia Anna, pelo apoio educacional em toda minha vida sem a qual não estaria aqui.

A meu pai, Cláudia e Philipe, pelo apoio e carinho.

A minha “Vó” Analita e Fabiano, pelo apoio fundamental nos anos de graduação e ter-me como parte da família.

Aos meus sogros, Jorge e Kió, pelo acolhimento, carinho, apoio incondicional e por adotar-me como filho e ao meu cunhado Farley, pela amizade.

Principalmente, a minha esposa Yslai, por compreender a distância e me ajudar a retirar as pedras do caminho. E a minha filha, Ysali. Apesar de ter ficado todo esse tempo longe, em nenhum momento deixei de pensar em vocês. Graças à tecnologia, que permitiu que nos víssemos todos os dias, suportamos a distância e mantivemos o amor entre nós.

E a todos que contribuíram para a elaboração deste trabalho e a minha caminhada.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	ii
1 INTRODUÇÃO.....	1
2 REFERENCIAL TEORICO.....	4
2.1 Considerações gerais sobre o melhoramento genético da batata no Brasil	4
2.2 Processos de seleção.....	5
2.2.1 Seleção clonal (Sequencial).....	6
2.2.2 Seleção de famílias (Sequencial).....	11
2.2.3 Seleção de famílias via REML/BLUP.....	18
2.2.4 Interação famílias x ambientes (MHPRVG).....	21
2.2.5 Seleção combinada e BLUP individual simulado (BLUPIS).....	23
2.2.5.1 Seleção combinada.....	23
2.2.5.2 BLUP individual simulado (BLUPIS).....	25
2.3 Índices de seleção.....	27
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	30
3.1 Material genético.....	30
3.2 Locais.....	30
3.3 Experimentos.....	31
3.3.1 Primeira etapa de seleção.....	31
3.3.2 Segunda etapa de seleção.....	33
3.4 Caracteres avaliados.....	34
3.5 Modelos estatísticos.....	34
3.6 Índice de seleção.....	36
3.7 Comparação entre a seleção clonal e a seleção de famílias.....	36

3.8 Simulação da seleção entre e dentro.....	37
3.9 ganhos de seleção.....	37
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	38
4.1 Primeira etapa de seleção.....	38
4.1.1 Seleção clonal.....	38
4.1.2 Seleção de famílias.....	39
4.1.2.1 Análises por locais.....	39
4.1.2.2 Análise conjunta.....	42
4.2 Segunda etapa de seleção.....	46
4.2.1 Seleção clonal.....	46
4.2.2 Seleção de famílias.....	48
4.2.3 Comparação entre os métodos – seleção clonal e seleção de famílias.....	49
4.3 Simulação da seleção entre e dentro.....	51
5 CONCLUSÕES.....	53
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	54
ANEXOS.....	64

RESUMO

PEIXOUTO, Leandro Santos. **Seleção de famílias vs. seleção clonal nas fases iniciais do melhoramento da batata**. 2009. 86 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

Em programas de melhoramento de batata é comumente empregada a seleção clonal, que consiste em um ou mais cruzamentos biparentais com seleção de clones individuais em sucessivas fases de seleção. Nesta primeira seleção normalmente se utiliza o delineamento de blocos aumentados devido ao elevado número de genótipos a serem avaliados e ao baixo número de material propagativo disponível. Este método apresenta baixa eficiência e grande custo de experimentação, podendo ser descartados clones superiores nesta etapa. Devido a isso, o presente trabalho teve por objetivo comparar a eficiência da seleção de famílias em relação à seleção clonal com o auxílio da metodologia dos modelos mistos (REML/BLUP). Para isso foi montado um experimento em blocos aumentados para conduzir a seleção clonal e outro em DBC para a seleção de famílias, este último plantado em dois locais e com parcelas compostas de 10 clones diferentes da sua referente família. Em um segundo etapa, os clones selecionados pelo método clonal foram avaliados em DBC em Lavras, assim como os selecionados pelo método de famílias. O ordenamento foi feito pelo índice de seleção baseado na distância média Euclidiana e os valores genotípicos preditos. Para comparação entre os dois métodos foi realizada a contagem das coincidências entre os 50 melhores indivíduos dos dois experimentos da segunda etapa de seleção. As principais conclusões obtidas deste trabalho foram: i. A intensidade realizada nos experimentos de blocos aumentados deve ser branda (50%) para que não sejam descartados clones superiores. ii. A seleção de famílias foi eficiente em identificar 68% dos 50 clones selecionados pela seleção clonal e 90% entre os 20 clones selecionados. iii. A seleção de família apresenta uma vantagem adicional por oferecer um menor custo de experimentação, possibilidade de avaliação em locais e/ou safras e o uso de delineamentos com repetições.

*Orientador: César Augusto Brasil Pereira Pinto – UFLA

ABSTRACT

Peixoto, Leandro Santos. **Family versus clonal selection in early stages of potato breeding**. 2009. 86 p. Dissertation (Masters in Genetics and Plant Breeding) – Federal University of Lavras, Lavras-MG.

Clonal selection is the main breeding strategy used for potato improvement, which consists in one or more biparental crosses and individual clone selection in the successive stage. Usually the first selections are carried out in experiments with no replications, such as the augmented block design due to the great number of genotypes and few tubers from each clone. This design has low efficiency and great experimental cost and superior clones can be discarded at the early stages. The purpose of this study was to compare the efficiency of family and clonal selection strategies using the mixed model (REML/BLUP). Two experiments were conducted, one using the augmented block design for the clonal selection and the other in a three replications randomized complete block design (RCB) for the family selection. Families were represented by approximately 30 clones and selection was done using information from two localities. In a second stage, clones selected from the clonal method and from the family method were evaluated in a RCB in Lavras, MG. Clones were ranked by the average Euclidian distance index and by the predicted genotypic values. To compare both selection methods the number of selected clones coincident amongst the best 50 clones from each method were counted. Selection intensity in the augmented block design should be light (around 50%) to not discard promising clones. Family selection was efficient to identify the best 68% amongst the 50 selected clones and 90% amongst the 20 selected clones from the clonal selection. Family selection presents additional advantages such as lower experimental cost, allows evaluations in different localities or growing seasons and uses of designs with replications.

* Major professor: César Augusto Brasil Pereira Pinto – UFLA

1 INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento de espécies de propagação vegetativa utilizam a técnica da hibridação, que consiste em cruzamentos entre clones elite do próprio programa e cultivares comerciais, gerando famílias de irmãos-germanos, neste caso, também denominadas de famílias clonais. Estes programas, geralmente, se iniciam com milhares de clones (Abbott & Atkin, 1987), que vão sendo selecionados sequencialmente, até que uma nova cultivar seja recomendada. Este método de melhoramento é conhecido como seleção clonal e é o mais amplamente utilizado na cultura da batata em todo o mundo (Mackay, 1987).

O delineamento de blocos aumentados é, normalmente, empregado, nas etapas iniciais do programa, devido ao grande número de genótipos avaliados e ao pequeno número de material propagativo. Esse delineamento tem baixa eficiência e deve ser utilizado apenas para a eliminação dos materiais sabidamente inferiores. Este fato e outros listados na literatura classificam o método de seleção clonal na fase inicial como de baixa eficiência, podendo ser descartados clones potenciais, se a intensidade de seleção for intensa (Haynes & Wilson, 1992; Bradshaw et al., 1998; Gopal et al., 1992; Pinto et al., 1994; Bressiani, 2001; Amaro, 2002; Rodrigues & Pereira, 2003).

Alternativas vêm sendo descritas como auxiliadoras, no sentido de melhorar as estimativas dos componentes de variância gerada pela metodologia da seleção clonal. Estas alternativas são o procedimento REML/BLUP; a análise estatística espacial; a substituição da seleção clonal nas primeiras gerações pela seleção de famílias, que pode ser sequencial – seleciona as melhores famílias em uma etapa e os clones dentro destas famílias selecionadas em outro –, seleção entre e dentro – seleciona as famílias e os clones na mesma etapa de seleção – e

combinada – que seleciona os clones com base na informação de famílias e informação de desempenho individual, e a análise simultânea para estabilidade, adaptabilidade e produtividade via modelos mistos pelo método MHPRVG, proposto por Resende (2004) ou pelo método FAMM (Resende & Thompson, 2004).

A seleção de famílias tem como fundamento a seleção das melhores famílias com base na média de um grupo de clones que a representa. Posteriormente, ocorre a seleção clonal apenas dos clones pertencentes às famílias selecionadas. Embora as variâncias genéticas dentro de famílias sejam maiores que as variâncias genéticas entre famílias (Bradshaw et al., 2000; Gopal, 1997; Diniz, 2002; Melo, 2007), não têm sido desenvolvidas novas variedades a partir de famílias medíocres, sendo, quase sempre, as cultivares excepcionais provenientes de boas combinações de genitores. Este fato corrobora que a seleção de famílias seja preferível em vez da seleção clonal, que apresenta uma série de desvantagens.

Uma vantagem atribuída à seleção de famílias seria o fato de que, nas gerações precoces, as famílias poderiam ser avaliadas em experimentos com repetições (ao contrário dos clones que possuem pouco material propagativo), aumentando a precisão da estimativa do seu valor genotípico. Além disso, as famílias também poderiam ser avaliadas em diferentes ambientes (safras e locais), permitindo a seleção de famílias com adaptação mais ampla.

A seleção de famílias é uma estratégia que tem sido utilizada amplamente em batata (Bradshaw et al., 2000; Gopal, 1997; Gopal, 2001; Andreu & Pereira, 2004; Simon, 2005; Diniz et al. 2006; Silva et al. 2007; Melo, 2007; Silva et al. 2008), em Dendê (Cedillo et al., 2008), em açaí via RELM/BLUP (Farias Neto et al., 2007), em eucalipto (Rocha et al., 2006), em cana-de-açúcar (Skinner et al., 1987; Jackson et al., 1995a,b; Bressiani et al., 2002; Shanthi et al. 2008) e em cana-de-açúcar via REML/BLUP (Bastos et al.

2007; Bressiani et al. 2002; Resende & Barbosa 2006; Oliveira et al. 2008; Pedrozo et al., 2009), entre outros.

O presente trabalho foi realizado com o objetivo de comparar a eficiência da seleção de famílias em relação à seleção clonal em batata, com o auxílio da metodologia dos modelos mistos (REML/BLUP).

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Considerações gerais sobre o melhoramento genético da batata no Brasil

Os programas de melhoramento genético de batata no Brasil enfrentam muitas dificuldades, se comparados aos que são conduzidos em países temperados. Isso ocorre, principalmente, por fatores ligados ao clima, aos aspectos fitossanitários e à forma de consumo.

A temperatura média para o bom desenvolvimento da cultura está entre 10° e 20°C (Antunes & Fortes, 1981), e para a formação de tubérculos e produção de matéria seca, entre 15° e 20°C (Van Der Zaag & Burton, 1978). Temperaturas noturnas elevadas constituem o maior obstáculo que pode limitar a produção de batata em regiões tropicais.

Segundo Menezes et al. (2001), a temperatura influencia negativamente o rendimento de tubérculos, além de aumentar a incidência de desordens fisiológicas nos tubérculos. No Brasil, devido ao fato de a grande maioria das cultivares ser de origem de clima temperado, a produção de batata se restringe a locais com climas amenos – de elevada altitude e/ou de alta latitude. Cultivares nacionais mais adaptadas ao clima tropical, com tolerância a temperaturas um pouco mais altas, devem ser obtidas para que, em épocas de veranico, não ocorra queda de produção.

A diversidade climática no Brasil, que permite o cultivo durante todo o ano, aliada à utilização de cultivares pouco adaptadas, favorece o aparecimento de pragas e doenças em maior intensidade do que em países de clima temperado. O controle dessas pragas e doenças é uma atividade difícil e onerosa, chegando a representar de 20% a 30% do custo total de produção (Brune et al., 1995).

A aparência dos tubérculos de batata é um fator muito importante no momento da comercialização, devido às preferências dos consumidores. Dessa forma, é imprescindível que os programas de melhoramento deem atenção

especial às características que determinam melhor aparência (Silva et al., 2007). Um tubérculo para consumo *in natura*, de acordo com as preferências dos consumidores, deve ter formato cilíndrico (não achatado) e oval alongado, película lisa e brilhante, com pouca proeminência de olhos e de sobancelha, não devendo ser curvado ou com as extremidades afiladas (apontado), dentre outras. O conjunto dessas características que são notadas pelo público consumidor é que determina uma aparência ideal (Pereira et al., 2001; Pereira, 2003; Pereira & Daniels, 2003).

Ainda sobre aparência, Melo (2007) informa que a forma de consumo *in natura*, preferida pelos brasileiros, deve ser considerada, pois, o consumidor exige tubérculos com pele lisa e brilhante. Esta exigência força a eliminação da maioria dos clones gerados no programa de melhoramento e restringe o número de cultivares a ser colocado no mercado. Diferentemente, nos países temperados, a maior parte da batata produzida é destinada à indústria, sendo o aspecto visual do tubérculo de menor importância para o consumidor.

2.2 Processos de seleção

Uma característica marcante das fases preliminares dos programas de seleção, no melhoramento de batata, é a pequena quantidade de material de propagação para cada novo genótipo a ser avaliado. Isto limita o uso de repetições para estes tratamentos genéticos, os quais são, com frequência, avaliados numa só parcela experimental. Para lidar com esse tipo de limitação, Federer (1956) propôs os delineamentos aumentados, os quais permitem ajustar as médias dos novos tratamentos para efeitos ambientais (blocos, linhas e/ou colunas) estimados a partir de testemunhas repetidas. Outras metodologias são sendo descritas, na literatura, como eficientes na melhoria das estimativas geradas pelos blocos aumentados, como o REML/BLUP (máxima

verossimilhança restrita/melhor preditor linear não viesado) e a análise estatística espacial.

Os programas de melhoramento da batata estão, em sua maioria, direcionados para os caracteres agronômicos de produção, o aspecto visual, a resistência à doença e as qualidades culinárias dos tubérculos. Esses programas, em geral, se iniciam com hibridações controladas, obtendo-se sementes botânicas que são semeadas em casa de vegetação e cultivadas em vasos de pequeno volume, produzindo poucos tubérculos e de tamanho reduzido. A partir de cada semente botânica, é obtido um clone, que é diferente dos demais. O grupo de clones oriundos de um cruzamento constitui uma família clonal.

A seleção clonal é o método de seleção amplamente empregado para as espécies de propagação vegetativa. Ela é praticada de forma sequencial, iniciando-se com a seleção de plantas individuais, as quais são clonadas para serem avaliadas em parcelas de várias plantas e/ou com repetições e assim subseqüentemente, até a obtenção dos clones elites.

Os programas de melhoramento da batata geram um elevado número de *seedlings* para aumentar a probabilidade de obtenção dos genótipos desejados. Com este elevado número de genótipos para serem avaliados, torna-se necessária a utilização de novas metodologias que gerem resultados mais rápidos e mais precisos, otimizando tempo e recursos para a liberação de novas cultivares. Vale ainda ressaltar que, mesmo nos dias atuais, as cultivares utilizadas no Brasil são, na sua maioria, introduzidas de países temperados. Alternativas de novas metodologias e estratégias vêm sendo relatadas na literatura, para o emprego nas culturas de propagação vegetativa.

2.2.1 Seleção clonal (sequencial)

Cruzamentos entre genitores superiores, seguidos de seleção individual ou clonal, constituem um procedimento clássico nos programas de

melhoramento de espécies de propagação vegetativa. Em alguns programas de melhoramento de batata são produzidas de 30 a 50 mil plântulas, podendo atingir até 100 mil (Mackay, 1987). Esse grande número se faz necessário devido à segregação tetrassômica, que gera mais variabilidade do que a segregação dissômica, requerendo, assim, uma população mais numerosa, no intuito de aumentar a probabilidade de obterem-se os genótipos desejados (Bradshaw & Mackay, 1994; Pinto, 1999).

Na fase inicial dos programas de seleção da batata, devido ao pequeno número de material propagativo e a um elevado número de material genético a ser testado, são montados experimentos em blocos incompletos, principalmente o delineamento de blocos aumentados. Nesta fase, o experimento, geralmente, tem sua principal função na eliminação dos piores clones devido à baixa precisão experimental dos blocos aumentados, fato que demanda uma branda intensidade de seleção. Assim, a seleção inicial diminuirá o número de clones a serem avaliados nas fases subsequentes, utilizando-se delineamentos com maiores precisões experimentais. Com o passar das fases de seleção, mais repetições e locais podem ser utilizados.

De acordo com Matsuoka et al. (2005) e Bressiani (2001), as melhores estratégias a serem consideradas na fase inicial, em cana-de-açúcar, é a seleção massal, realizada com alta intensidade apenas para os caracteres de alta herdabilidade, como °Brix e resistência a doenças ou a seleção de famílias para caracteres de baixas herdabilidades. Trabalhos realizados em batata e outras culturas obtiveram resultados que corroboram as afirmativas destes autores (Pinto, 2000; Souza Jr., 1989; Schaalje et al., 1987; Anderson & Howard, 1981; Bradshaw et al., 1998; Brown et al., 1987; Tai, 1975; Pinto et al., 1994).

Nas fases subsequentes à seleção inicial no processo de seleção, a quantidade de material propagativo ainda é bastante limitada, havendo, ainda, a necessidade de avaliar um grande número de clones com limitados recursos

disponíveis. Nestas fases, os experimentos são constituídos por parcelas pequenas, com poucas plantas e avaliados com duas repetições e em um único local.

Neele et al. (1989) avaliaram o conteúdo de matéria seca de 600 clones de batata (primeira e segunda gerações clonais) e encontraram correlações variando de 0,45 a 0,69 entre as gerações, de forma que a seleção precoce só foi eficiente quando um terço dos clones foi descartado na primeira geração.

Segundo Allard (1960), no processo de seleção visual, os selecionadores devem estar bastante familiarizados com a cultura; caso contrário, a seleção dos genótipos superiores não será eficiente. Com base neste fato, Tai (1975) sugeriu que os selecionadores fossem treinados para fazer avaliações específicas a uma cultura. No entanto, a seleção baseada em um ou poucos caracteres de alta herdabilidade poderia causar o descarte de genótipos valiosos para outros caracteres. A seleção visual é utilizada na avaliação de grandes populações, mas sua eficiência tem sido questionada em diversas culturas (Frey, 1962; Briggs & Shebeski., 1970; Tai, 1975; Dahiya et al., 1984).

Segundo Bressiani (2001), a avaliação visual, na etapa de *seedlings*, em cana-de-açúcar, deveria ser considerada como um método de *screening*, com o objetivo apenas de eliminar os indivíduos realmente desfavoráveis.

No entanto, até mesmo para estas características de alta herdabilidade, resultados indicam que a seleção precoce, se realizada, deve ser branda, até mesmo de forma a eliminar somente os piores indivíduos ou famílias que se mostraram reprováveis para os caracteres de alta herdabilidade (Neele & Lowes, 1989; Maris, 1988; Haynes & Wilson, 1992; Bradshaw et al., 1998; Gopal et al., 1992).

Nas condições brasileiras, alguns trabalhos já foram realizados demonstrando a ineficiência da seleção clonal, principalmente nas primeiras gerações (Pinto et al., 1994; Amaro, 2002). Esta ineficiência, normalmente, está

associada à baixa precisão na avaliação de clones individuais que, por terem pouco material propagativo, não tem como serem avaliados em experimentos com repetições e em diferentes locais. Além do mais, ocorre ampla variação no tamanho dos tubérculos sementes da geração *seedling* ou, mesmo, da primeira geração clonal (C1) e que contribui grandemente para diferenças de comportamento dos clones experimentais (Pinto et al., 1994). Esta ineficiência da seleção ocorre tanto para os caracteres componentes da produção como também para os relacionados à qualidade da matéria prima, isto é, o teor de matéria seca dos tubérculos (Amaro, 2002).

Segundo Rodrigues & Pereira (2003), nas etapas iniciais do processo de seleção de batata, deve-se aplicar apenas uma seleção negativa quanto à cor de chips, teor de matéria seca, produção, número e peso médio de tubérculo, ou seja, eliminar somente os genótipos indesejáveis. Estes mesmos autores relataram que os coeficientes de correlação entre gerações (G1, G2 e G3) e as estimativas de herdabilidade dentro das gerações clonais foram baixas para cor de chips, baixas a moderadas quanto à matéria seca e incrementais com as gerações nos componentes de produção. É também necessário avançar até a terceira geração, para poder realizar com eficiência a seleção de clones superiores quanto aos componentes de produção, quando aplicados sobre a seleção individual (clonal). Segundo Skinner et al. (1987), esta ineficiência também pode ser observada no melhoramento da cana-de-açúcar. Muitos erros devido à interação genótipos x ambientes e genótipos x geração clonal estão sujeitos a ocorrer com a seleção clonal, quando se seleciona com base em experimento em um só local e geração clonal.

Espera-se que a seleção individual, para a maioria dos caracteres de importância econômica, seja ineficiente, uma vez que cerca de 80% da variação deve-se a fatores ambientais e apenas os 20% restantes são devidos a fatores genéticos. Em contraste, a seleção de famílias para estes caracteres deve ser

efetiva, pois de 75% a 80% da variação fenotípica entre as famílias são devidos a fatores genéticos. A seleção de famílias só será mais eficiente que a massal quando a herdabilidade baseada nas médias de famílias for superior à herdabilidade com plantas individuais (Bressiani, 2001).

Sabe-se, ainda, que a herdabilidade entre famílias, geralmente, é superior àquela entre plantas individuais. Sendo assim, a seleção de famílias tem sido adotada em alguns programas de melhoramento da cana-de-açúcar, como método de seleção indireta de clones superiores em populações segregantes (Jackson, et al., 1995a, b; Jackson e McRae, 1998). Entretanto, a seleção de famílias só será mais eficiente que a massal se ocorrer uma alta correlação genética entre o desempenho das famílias e dos seus clones.

Outro ponto que vale ser ressaltado é que, devido à baixa correlação entre as gerações clonais, apresentada em diversos trabalhos citados, o clone apresentado como superior na geração de avaliação poderá não responder de forma similar na fase de seleção subsequente, o que pode fazer com que sejam selecionados clones desfavoráveis e eliminados clones superiores, quando a seleção é feita com base em uma única etapa. Como a seleção de famílias não leva em conta o valor individual e sim a média da família, esta tende a ter menor efeito oscilativo entre as gerações. Isso pode ser explicado pelo comportamento dos clones que, em uma etapa, se mostra superior e, em outra, inferior e outro clone da mesma família o inverso, o que, na média, gera um efeito médio de famílias estável nas duas fases. Além disso, na seleção de famílias podem ser obtidos clones com maior estabilidade e adaptabilidade, por ser possível a utilização de vários locais de avaliação.

Um fator que pode melhorar a eficiência dos blocos aumentados, muito empregado na seleção clonal nas fases iniciais, é a utilização dos modelos mistos. Segundo Duarte & Vencovsky (2001), até recentemente, os delineamentos aumentados vinham recebendo tratamento estatístico

simplificado, com base na análise intrablocos (modelos fixos). Contudo, dados experimentais desse tipo são mais bem analisados por meio da abordagem de modelos mistos, haja vista os efeitos fixos de testemunhas e aleatórios de progênies. Neste contexto, os preditores de variáveis aleatórias realizadas, os BLUPs (*best linear unbiased predictors*), são funções diretas dos componentes de variância envolvidos no modelo de análise (Searle et al., 1992). Assim, estimativas adequadas de variância são fundamentais também para uma melhor qualidade das predições dos valores genotípicos individuais das progênies. Uma alternativa para melhorar esta estratégia de seleção inicial surge com essa abordagem estatística, podendo trazer melhores ganhos e estimativas mais confiáveis dos genótipos analisados, com isso melhorando o resultado final da seleção.

Uma metodologia que vem sendo descrita na literatura são as análises espaciais (geoestatística), considerada uma fonte de melhoria nas precisões experimentais, tanto como complemento das análises em delineamentos como uma alternativa análise experimental. Diversos trabalhos relatam sua eficiência em reduzir o resíduo experimental. Esta eficiência pode ser muito mais intensa quando utilizada em ensaios com grande heterogeneidade entre as parcelas, como é o caso dos blocos aumentados.

2.2.2 Seleção de famílias (sequencial)

Em várias espécies, como forrageiras (Ferreira & Pereira, 2005), dendê (Cedillo et al., 2008), açaí via RELM/BLUP (Farias Neto et al., 2007), eucalipto (Rocha et al., 2006; Garcia & Nogueira, 2005), cana-de-açúcar (Skinner et al., 1987; Jackson et al., 1995a,b; Shanthi et al., 2008; Matsouka et al., 2005), cana-de-açúcar via REML/BLUP (Bastos et al., 2007; Bressiani et al., 2002; Resende & Barbosa, 2006; Oliveira et al., 2008; Pedrozo et al., 2009) e batata (Bradshaw et al., 2000; Gopal, 1997; Gopal, 2001; Andreu & Pereira, 2004; Simon, 2005;

Diniz et al., 2006; Silva et al., 2007; Melo, 2007; Silva et al., 2008), a seleção individual é frequentemente realizada sem utilização das informações de família. Nestes casos, aplica-se uma intensidade de seleção moderada ou fraca entre as famílias, com posterior seleção massal dentro das famílias selecionadas, significando que o efeito genotípico de famílias não é efetivamente empregado como guia para a seleção individual, fato que diminui a eficiência do processo seletivo (Resende & Barbosa, 2006).

Atualmente, informações de famílias vêm sendo utilizadas amplamente na cultura da cana-de-açúcar, sendo a principal fonte de informações sobre essa metodologia. Resende & Barbosa (2006), comparando as herdabilidades médias de família (h^2_{mf}), concluíram que o uso de informações de famílias apresentou superioridade em relação à seleção clonal. O teste de progênie, método de seleção amplamente aplicado no melhoramento de plantas, pode ser considerado como uma forma de seleção de famílias, uma vez que o critério da seleção, como o próprio nome implica, é o valor médio da progênie de um indivíduo (Falconer & Mackay, 1996).

Na cultura da batata, as cultivares são representadas por um conjunto de indivíduos idênticos, denominados de clones, que se originam da propagação assexuada de uma planta altamente heterozigótica (Mackay, 1987). Já a família refere-se ao conjunto de indivíduos ou clones pertencentes ao mesmo cruzamento, podendo este ser um cruzamento biparental ou por polinização livre ou mistura de pólen, gerando famílias de irmãos-germanos e famílias de polinização livre ou meios-irmãos, respectivamente.

Em batata, assim como na maioria das culturas, a variância genética dentro de famílias é maior que a variância entre famílias, para todos os caracteres avaliados por Diniz (2006), Melo (2007), Gopal (2001) e Bradshaw (1998), indicando que um grande potencial é alcançado com a seleção dentro das melhores famílias. Outro resultado que verifica a possibilidade e a eficiência da

seleção de família é o de Diniz (2006), segundo o qual, as melhores famílias contêm um maior número de clones superiores e, nas famílias inferiores os poucos clones superiores que ela possui, na sua grande maioria, não superam os melhores clones das outras famílias.

A seleção de famílias é uma ferramenta importante na identificação precoce dos melhores genótipos. Com isso, apenas esses genótipos são avaliados em experimentos posteriores, reduzindo o custo relacionado com a manutenção dos tubérculos-semente, além do requerimento de área e mão-de-obra para a instalação dos experimentos (Pinto, 2000).

A eficiência da seleção de famílias baseia-se no fato de que os desvios dos efeitos ambientais dos indivíduos tendem a se anular. Dessa forma, o valor fenotípico médio da família aproxima-se do valor genotípico médio e as vantagens obtidas serão maiores quando os desvios do ambiente constituírem uma grande parte da variância fenotípica ou, em outras palavras, quando a herdabilidade for baixa (Falconer & Mackay, 1996).

Por outro lado, a variância ambiental comum aos membros da família (dentro de parcela) diminui a eficiência de sua seleção. Se este componente for grande, ele tenderá a confundir as diferenças genéticas entre as famílias, tornando a seleção ineficiente. Outro fator importante, na eficiência da seleção, diz respeito ao número de indivíduos que representem a família. Teoricamente, quanto maior for o tamanho da família, maior será a correspondência entre o valor fenotípico médio e o valor genotípico médio. Contudo, Bradshaw & Mackay (1994) afirmam que é necessário um número relativamente pequeno de genótipos de cada progênie para representar o desempenho da família, sendo suficiente entre 20 e 80. Diniz et al. (2006) relatam que, pelo método da máxima curvatura, foi determinado que as famílias podem ser representadas por, aproximadamente, 30 clones, para qualquer caráter, mesmo para os de baixa herdabilidade. Outro problema inerente aos testes de famílias com informação

de plantas dentro de parcela, principalmente com as plantas perenes, é a ocorrência do efeito de competição entre plantas, resultando em uma reduzida variância dentro de parcela (Cedillo et al., 2008).

Dessa forma, as condições em que a seleção de famílias poderia ser utilizada com vantagens são: baixa herdabilidade do caráter, pequenas variações atribuídas ao ambiente comum e famílias com 30 ou mais indivíduos.

Oliveira et al. (2008), comparando a seleção individual, também denominada de seleção massal, com a seleção de famílias em cana-de-açúcar, verificaram menor eficiência seletiva de famílias para os caracteres número de perfilhos por touceira, massa média de colmo (kg) e toneladas de cana por hectare (TCH), pois as suas respectivas herdabilidades individuais foram inferiores às estimativas de herdabilidades de médias de famílias no sentido amplo (h^2_{mf}). Simon (2005) apresentou resultados que apontaram para uma possível eficiência da seleção de famílias em estádios precoces, em que suas famílias continham de 14 a 30 clones por família, aconselhando a realização de avaliações com famílias contendo maior número de clones. Além disso, recomendou avaliações além da segunda geração clonal, considerando que resultados mais confiáveis são obtidos em gerações mais avançadas nos programas de melhoramento de batata.

Jackson et al. (1995b) apresentaram uma revisão sobre a seleção de famílias, em cana-de-açúcar, descrevendo a implantação deste tipo de seleção nos programas de melhoramento regionais na Austrália. Estes autores concluíram que a seleção de famílias apresentou boa adaptação aos sistemas de colheita e de pesagem mecanizados, otimizando o trabalho empregado e mostrando-se superior à seleção clonal na maior parte das situações. Simmonds (1996) encorajou o uso da seleção de famílias e destacou que a mesma, até aquela época, estava sendo utilizada rotineiramente apenas na Austrália.

Segundo Jackson & McRae (1998), em programas de melhoramento de cana que preconizam a seleção de famílias, geralmente, é efetuada na primeira fase de seleção e, posteriormente, plantas individuais são selecionadas dentro das famílias superiores. A partir daí, os genótipos selecionados são avaliados por mais duas ou três fases de seleção com repetições, antes do lançamento comercial dos clones superiores. Uma vantagem potencial da seleção de famílias, quando comparada com a seleção individual, segundo Jackson et al. (1995a) e Jackson & McRae (1998), é que o seu desempenho pode ser avaliado em vários ambientes, ainda nas etapas iniciais de seleção. Esta estratégia é de grande importância quando as interações genótipos x ambientes são elevadas na região foco do programa de melhoramento.

Uma forma mais explícita de verificar a superioridade e a eficiência da seleção de famílias em cana-de-açúcar pode ser verificada no Quadro 1, em que aqueles autores comparam as herdabilidades obtidas nos experimentos de seleção individual e seleção de famílias. Observa-se que as h^2 são sempre maiores entre as famílias. No Quadro 2 apresentam-se as estimativas das herdabilidade de média de famílias em batata, com base em duas gerações de estudo dos caracteres de aparência de tubérculos. Nesse estudo, Silva et al. (2007) comenta que as herdabilidades na geração plântula se mostraram superiores à da primeira geração clonal. Estas herdabilidade apresentam magnitudes consideráveis, sendo efetiva a seleção com base nestes caracteres.

QUADRO 1 Estimativas de herdabilidades no sentido amplo, baseadas em plantas individuais e em famílias (entre parênteses) em cana-de-açúcar.

Caráter	País			
	Austrália	Havai	Fiji	Argentina
Tonelada de cana por hectare	0,17(0,75)	--	(0,48)	0,10
Tonelada de Brix por hectare	0,16(0,76)	--	--	--
Brix	0,65(0,90)	0,27(0,53)	(0,43)	--
Perfílhos	0,26(0,90)	0,13(0,51)	(0,53)	0,06
Diâmetro	--	0,30(0,71)	(0,70)	0,44
Altura	0,32(0,84)	0,21(0,40)	(0,54)	0,24
Volume	--	0,10(0,39)	--	--
Ferrugem	0,51(0,93)	--	--	--
Carvão	--	0,56(0,84)	--	--

Fonte: adaptado de Skinner et al. (1987).

QUADRO 2 Estimativas de herdabilidade média de família (h^2_{mf}) com respectivos intervalos de confiança ($0,95 < IC < 0,05$) de caracteres de aparência de tubérculos de batata cultivados em duas gerações clonais.

Caráter	Geração	h^2	Caráter	Geração	h^2
Aparência geral	Plântula	0,81(0,75-0,87)	Apontamento	Plântula	0,89(0,88-0,93)
	Primeira			Primeira	0,75(0,69-0,89)
Aspereza	Plântula	0,82(0,80-0,86)	Achatamento	Plântula	0,53(0,44-0,65)
	Primeira	0,45(0,38-0,59)		Primeira	0,43(0,32-0,57)
Formato	Plântula	0,91(0,90-0,94)	Uniformidade de formato	Plântula	0,09(0,03-0,16)
	Primeira	0,9(0,88-0,94)		Primeira	--
Tamanho	Plântula	0,57(0,45-0,69)	Sobrancelha	Plântula	0,89(0,88-0,93)
	Primeira	0,43(0,33-0,58)		Primeira	0,44(0,22-0,55)
Curvatura	Plântula	0,94(0,94-0,96)	Uniformidade de tamanho	Plântula	0,41(0,22-0,47)
		0,70(0,67-0,81)		Primeira	0,13(0,10-0,40)
	Primeira		Profundidade de olho	Plântula	0,68(0,57-0,78)
				Primeira	0,81(0,78-0,86)

Fonte: Adaptado de Silva et al. (2007).

Nesta seleção, as informações individuais irão determinar a média das famílias, o que torna a seleção mais efetiva, pois para os caracteres de baixa herdabilidade, quando analisados em estudos de famílias, verifica-se que maior proporção da variação fenotípica entre famílias deve-se a fatores genéticos (Bressiani, 2001).

A seleção de famílias consiste em escolher todas as melhores e rejeitar as piores, que teriam valores genéticos baixos. Estudos mostrando o potencial de famílias com valores genotípicos superiores, quando comparados com famílias de valores inferiores, evidenciam que a seleção com base nas melhores famílias é efetiva para identificar quais famílias teriam maior proporção de clones elites (Kimbeng et al., 2001). Na cultura do dendê, uma das estratégias adotadas nos programas de melhoramento é o teste de famílias, em que o procedimento é baseado na seleção ou eliminação de famílias inteiras, tomando o desvio do valor fenotípico em relação ao valor médio fenotípico da população em consideração (Cedillo et al., 2008).

Portanto, realizar a seleção de famílias tendo como objetivo a seleção de clones superiores, é possível, pois a probabilidade de se encontrar clones elites em fases avançadas de seleção do programa de melhoramento tenderá a ser maior com estas famílias melhoradas (Kimbeng & Cox, 2003).

A avaliação de famílias permite, ainda, estimar os parâmetros fenotípicos e genéticos, prever os valores genéticos em cruzamentos e as relações entre os caracteres em estudo, possibilitando, ainda, avaliar a eficiência dos métodos de seleção e estimar os progressos genéticos proporcionados pela seleção. Processos como estes podem contribuir para a evolução de um programa de melhoramento, pois possibilitariam maior entendimento e melhor exploração da variabilidade genética presente em progênies originadas de cruzamentos entre genitores conhecidos. Outro ponto importante refere-se ao conhecimento do valor genético dos genitores utilizados nos cruzamentos. Isto

indicaria a melhor metodologia de hibridação entre genitores, ou seja, policruzamentos ou cruzamentos simples “biparentais” (Silva et al., 2002).

A seleção com base em testes de progênies é sempre mais eficiente e tem sido empregada no melhoramento por atender tanto aos objetivos de seleção e melhoria genética, quanto ao estudo dos parâmetros genéticos (Kageyama, 1983).

Barbosa et al. (2005) evidenciaram que alguns genitores tiveram maior importância nos cruzamentos realizados, mostrando que os melhores genitores podem ser combinados com outros genitores visando à identificação de cruzamentos com alto valor genotípico e elevada capacidade específica de combinação (CEC) entre os genótipos. Barbosa et al. (2004), ao direcionarem a seleção para obter famílias especializadas na produção de biomassa via procedimento REML/BLUP, identificaram genitores com elevado efeito genético aditivo para a produção de colmo por hectare (TCH). O procedimento REML/BLUP é amplamente citado na literatura como a melhor metodologia para ser aplicada na seleção de famílias (e também eficiente na seleção clonal) por estimar os parâmetros genotípicos e prever os valores genotípicos de forma mais precisa.

2.2.3 Seleção de famílias via REML/BLUP

Na seleção de famílias, valores individuais não são considerados, a não ser pelo fato de que eles determinam a média das famílias. Em outras palavras, aos desvios dentro da família são dados pesos zero (Falconer & Mackay, 1996).

A seleção baseada em famílias, mais generalizadamente, pode ser realizada de forma sequencial, entre e dentro ou combinada. A especificidade da seleção sequencial reside em ela envolver, basicamente, uma seleção entre as famílias e, posteriormente, selecionam-se os melhores indivíduos dentro destas famílias previamente selecionadas em outra etapa de seleção. Nesta condição,

nenhuma planta é selecionada no interior das famílias não selecionadas e, dentro das famílias selecionadas, as de médias extremas (a de maior e a de menor média na seleção) têm o mesmo número de indivíduos selecionados (Bressiani, 2001). A principal vantagem desse método reside em um número relativamente baixo de clones avançados para a primeira avaliação individual, quando comparado com o tradicionalmente realizado na cultura da batata, que leva todos os genótipos obtidos pelos cruzamentos para uma avaliação em campo.

O esquema da seleção entre e dentro de famílias, na sua estrutura tradicional, consiste em tomar as melhores plantas dentro das melhores famílias em uma mesma etapa de seleção. Segundo McRae et al. (1993) e Cox et al. (1996), em cana-de-açúcar, a combinação da seleção por famílias com a seleção massal é mais eficiente que a seleção por famílias apenas. Cox & Hogarth (1993) afirmaram ser o método mais eficiente de seleção aquele realizado baseado em famílias, com repetições, na avaliação de cana planta, com a cana soca mantida para a seleção massal dentro das melhores famílias.

A seleção combinada é realizada com base no desempenho individual associado ao desempenho da família, na mesma etapa de seleção. Esta alternativa será bem exemplificada em um tópico a seguir, por esta ter se mostrado mais eficiente na literatura.

A seleção de famílias por meio de modelos mistos REML/BLUP pode ser uma estratégia importante para identificar famílias com elevados valores genotípicos, onde haveria maior probabilidade de seleção de clones potenciais (Oliveira et al., 2008).

Barbosa et al. (2005), estudando a seleção de famílias de cana-de-açúcar pela metodologia dos modelos mistos REML/BLUP, estimaram os parâmetros genotípicos da população em estudo e realizaram a predição dos valores genotípicos das famílias e os valores genéticos dos genitores utilizados nas hibridações. Os referidos autores apontaram vantagens em utilizar a seleção de

famílias via procedimento REML/BLUP, pois isso permitiu identificar famílias superiores que poderiam ser utilizadas para a produção de maior quantidade de sementes. Estas sementes seriam utilizadas para a implantação de um novo campo de T1, contendo apenas famílias de elevado valor genotípico, com posterior seleção de clones dentro destas famílias promissoras. Os autores relatam que é altamente desejável ter um número expressivo de genótipos provenientes de cruzamentos de elevados valores genotípicos, o que permitiria aumentar a probabilidade de seleção de bons clones dentro dessas famílias. Nesta etapa, este processo de seleção de indivíduos pode ser baseado em caracteres visuais de seleção que envolveriam uma série de características morfológicas.

Em qualquer situação, o método BLUP é igual ou superior aos demais métodos para ordenamento de materiais genéticos, predição de valores genéticos e estimação de ganhos genéticos. Em geral, são melhores os seguintes métodos, pela ordem: BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*), BLP (*Best Linear Predictor*), BP (*Best Prediction*), GLS (*Generalized Least Square*) e OLS (*Ordinary Least Square*) (Resende et al., 1996).

Uma metodologia que vem sendo utilizada para auxiliar a seleção de famílias é a predição de valores genotípicos via BLUP individual, que utiliza a informação de famílias e individual para a seleção (Resende, 2002). Mas, a seleção de famílias, normalmente, é realizada considerando informações totais das parcelas, pois as mesmas são colhidas integralmente. Com isso, não há a possibilidade de obter informações dos indivíduos dentro das parcelas experimentais. Este método se torna de difícil utilização, devido à necessidade de se obter informações dentro de parcela, coletando dados planta a planta

Para contornar esta situação, Resende & Barbosa (2006) propuseram a seleção via BLUP individual simulado (BLUPIS), que se baseia nos efeitos genotípicos das famílias avaliadas a campo.

2.2.4 Interação famílias x ambientes (MHPRVG)

Em qualquer programa de melhoramento, a interação genótipos (ou famílias) x ambientes é um fator que merece grande atenção dos melhoristas. Na cultura da batata, além da interação genótipos x ambientes, ocorre também a interação genótipos x geração clonal, esta última com grande influência na seleção dos materiais nos estágios iniciais de seleção. Diversos trabalhos com a cultura da batata mostram baixa correlação entre as gerações clonais para inúmeros caracteres utilizados na seleção (Rodrigues & Pereira, 2003; Andreu, 2004; Lambert, 2004; Bhering, 2006; Silva et al., 2007; Silva et al., 2008).

Segundo Bastos et al. (2007), metodologias estatísticas de fácil interpretação e com seleção simultânea para produtividade, adaptabilidade e estabilidade têm sido desenvolvidas, buscando-se a seleção de genótipos com elevados rendimentos em diferentes ambientes de plantio. No contexto dos modelos mistos, uma alternativa é o método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG), preconizado por Resende (2004). Este procedimento permite selecionar simultaneamente pelos três atributos mencionados e, conforme o autor, apresenta as seguintes vantagens: i. considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos preditos e não de valores fenotípicos; ii. permite lidar com desbalanceamento; iii. permite lidar com delineamentos não-ortogonais; iv. permite lidar com heterogeneidade de variâncias; v. permite considerar erros correlacionados dentro de locais; vi. fornece valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade; vii. pode ser aplicado com qualquer número de ambientes; viii. permite considerar a estabilidade e a adaptabilidade na seleção de indivíduos dentro de progênie; ix. elimina os ruídos da interação genótipos x ambientes à semelhança da técnica AMMI e x. gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado.

Outros métodos, como, por exemplo, o de Lin & Binns (1988), fornecem resultados que não são interpretados diretamente como valores genéticos e, então, não permitem computar o ganho genético no caráter composto pela produtividade, estabilidade e adaptabilidade. O método de Annicchiarico depende, adicionalmente, de suposições de valores de associados a $Z_{(1-\alpha)}$, que se referem ao percentil da função distribuição normal padrão associado a determinado nível de significância α (Bastos et al., 2007).

Bastos et al. (2007) e Zeni Neto et al. (2008), apud Resende et al. (2004), verificaram que o método MHPRVG produziu exatamente o mesmo ordenamento que a estatística P_i , podendo assim ser empregado vantajosamente no contexto dos modelos mistos com efeitos genéticos aleatórios. Ressaltam, ainda, a eficácia do BLUP em eliminar efeitos ambientais e os ruídos da interação, destacada por Resende (2004). Outro ponto que os autores relatam é a alta correlação entre os valores genotípicos preditos ($\mu + g + ge_m$) e pelo método MHPRVG, bem como as estimativas de adaptabilidade e estabilidade obtidas pela metodologia das diferenças em relação à reta bissegmentada, ponderadas pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV), baseada na estatística P_i de Lin & Binns. Segundo os mesmos autores, os resultados concordam com Oliveira et al. (2005) e Resende (2004), segundo os quais, essas elevadas correlações confirmam a semelhança desses métodos na classificação e na identificação dos genótipos mais estáveis e responsivos às condições ambientais.

Bastos et al. (2007) afirmam ser importante ressaltar que os BLUPs obtidos por local, nas análises conjuntas que levam em consideração a informação de toda rede de experimentos, são mais precisos do que os valores BLUP obtidos por meio das análises por local, análises individuais.

2.2.5 Seleção combinada e BLUP individual simulado (BLUPIS)

2.2.5.1 Seleção combinada

Segundo Martins et al. (2005), uma das críticas que se faz à seleção entre e dentro é o fato de indivíduos superiores de famílias intermediárias ou indivíduos intermediários de famílias superiores, às vezes, não serem considerados na seleção. Assim, surge como alternativa a seleção combinada, na qual a escolha é feita com base no desempenho individual associado ao desempenho da família, em um único estágio. Pela natureza de obtenção, este tipo de seleção é mais rico em informações e, normalmente, leva a resultados mais satisfatórios que a seleção entre e dentro.

A seleção combinada foi, inicialmente, proposta por Lush (1947), apud por Bressiani (2001), como uma combinação ótima resultante de se atribuir pesos diferenciados às médias e ao valor dos indivíduos dentro das famílias. O autor comparou a seleção combinada com a seleção massal e com a seleção de famílias quanto aos progressos genéticos esperados por etapa e chegou a uma série de considerações, das quais se destacam:

1. a seleção combinada é sempre superior às demais;
2. esta superioridade é mais pronunciada nas seguintes situações: a) com valores de t (correlação fenotípica intraclasse) baixos e valores de r (correlação genotípica intraclasse) moderados; b) com t muito maiores que r ;
3. Com $t > r$, as médias de famílias exercem papel “negativo” na seleção combinada, sendo mais úteis como indicadores de efeitos ambientais do que preditores apropriados do valor genético dos genitores.

No Quadro 3, adaptado de Martins et al. (2005), comparam-se os ganhos genéticos obtidos com a seleção entre, dentro, entre + dentro e combinada, comprovando a eficiência desta última com a relação $GS_{\text{combinada}} / (GS_{\text{entre}} + GS_{\text{dentro}})$, em que essa relação sempre se apresenta acima de 1,0, mostrando sua superioridade da seleção combinada. A seleção entre e dentro e a seleção

combinada apresentaram, em média, o dobro do ganho obtido quando comparado tanto com a seleção entre famílias quanto dentro de famílias.

QUADRO 3 Ganhos genéticos em circunferência à altura do peito (CAP) e altura de plantas (ALT) de *Eucalyptus grandis*, por seleção entre e dentro de famílias e seleção combinada, considerando os dois métodos de estimação, em solo de encosta (local 1) e em solo de baixada (local 2), no município de Rio Doce, Sabinópolis (local 3) e Virginópolis (local 4), MG, adaptado de Martins et al. (2005).

Métodos de estimar o ganho	Ganhos de seleção	% Local 1		% Local 2		% Local 3		% Local 4	
		CAP	ALT	CAP	ALT	CAP	ALT	CAP	ALT
		Método 1	GSe	39,63	39,68	26,40	27,03	12,43	11,43
	GSD	41,99	36,92	21,19	19,43	9,37	6,17	10,69	7,67
	GSe + GSD	81,62	76,60	47,59	46,46	21,80	17,60	25,02	20,13
	GSc	86,52	79,57	52,48	49,38	24,69	20,38	30,08	24,64
	GSc/(GSe + GSD)	1,06	1,04	1,10	1,06	1,13	1,15	1,20	1,22
Método 2	GSe	38,34	38,13	27,04	27,02	14,28	13,63	14,54	13,07
	GSD	42,67	44,50	29,06	31,08	14,61	14,87	13,10	12,33
	GSe + GSD	81,01	82,63	56,10	58,10	28,89	28,50	27,64	25,40
	GSc	104,81	105,93	73,19	74,74	37,77	36,75	36,82	33,38
	GSc/(GSe + GSD)	1,29	1,28	1,30	1,29	1,31	1,29	1,33	1,31

GSe, GSD e GSc = ganho de seleção entre famílias, ganho de seleção dentro de famílias e ganho de seleção combinada, respectivamente.

Método 1: ganhos estimados usando-se o diferencial de seleção.

Método 2: ganhos estimados usando-se a intensidade de seleção.

Neste mesmo trabalho, os autores chegaram às seguintes conclusões: a seleção combinada em progênies de *Eucalyptus grandis* apresentou estimativas de ganhos genéticos esperados superiores aos processos de seleção entre e dentro, em todos os locais de experimentação.

Diversas pesquisas e estudos de simulação têm mostrado que combinar a seleção de famílias e a seleção de clone individual é um prático e eficiente

método de seleção nos estágios iniciais de teste (Shanthi et al., 2008; Cedillo et al., 2008; McRae et al., 1993; Cox et al., 1996; Melo, 2007). Estes autores afirmam que pesquisas que possibilitem prever os resultados dos cruzamentos têm ajudado os melhoristas a concentrarem esforços nos cruzamentos mais vantajosos, com maiores valores de σ^2_g , o qual por sua vez, mostra incrementos substancialmente na chance de selecionar clones elites.

2.2.5.2 BLUP individual simulado (BLUPIS)

Este método de seleção de famílias possibilita determinar o número de genótipos a ser selecionado dentro de cada família avaliada, o número total de clones a ser avançado e o número de famílias que contribuirá com os indivíduos a serem selecionados. O método pode ser adotado na avaliação de famílias de irmãos germanos simples ou obtidas de cruzamentos dialélicos não balanceados ou balanceados, famílias de meios-irmãos e famílias de autofecundação (Resende & Barbosa, 2006).

Pelo procedimento BLUPIS determina-se, de forma dinâmica, o número de genótipos a serem selecionados dentro de cada família, dado por:

$$n_k = \left(\frac{\hat{g}_k}{\hat{g}_j} \right) n_j, \text{ em que, } n_k \text{ corresponde ao número de genótipos a serem}$$

selecionados em cada família k , \hat{g}_j refere-se ao valor genotípico estimado da melhor família e n_j corresponde ao número de indivíduos selecionados na melhor família. A determinação de n_j envolve o conceito de tamanho efetivo populacional (Resende & Barbosa, 2006). Tendo este número de genótipos a ser avançado, a escolha deve ser realizada ou em um campo de soca ou em um experimento extra ou podem-se utilizar sementes remanescentes, todos aplicando uma seleção visual para caracteres de fácil identificação (alta herdabilidade) ou simplesmente de forma aleatória.

Resende & Barbosa (2006) relatam que, com a utilização desta metodologia, um menor número de melhores clones é avançado, permitindo, assim, aumentar a eficiência do processo seletivo e diminuindo o custo no programa de melhoramento. Pois, ao adotar-se a seleção massal, torna-se necessário avançar um número maior de clones, visando incluir na seleção clones realmente superiores, que serão posteriormente identificados nos testes clonais.

O BLUP individual simulado apresenta alta correlação (0,95, no estudo de avaliação de eucalipto) com o verdadeiro BLUP individual. BLUPIS é indicado para o melhoramento genético de espécies cuja obtenção de dados em famílias (total de parcela), por ser operacionalmente mais fácil que dados em nível de indivíduos, portanto, é apropriado para programas de melhoramento de cana-de-açúcar, forrageiras e espécies anuais autógamas, especialmente para caracteres de baixa herdabilidade (Resende & Barbosa, 2006). Devido a este fato e a metodologia empregada nos programas de melhoramento de batata, que avaliam total de parcela em experimentos de famílias, o BLUPIS tem grande potencial para ser aplicado também na batata.

Adaptações serão necessárias para que esta metodologia possa ser empregada de fato nos programas de melhoramento de batata. Em batata não ocorre a soca, não sendo possível retornar ao campo experimental para avaliações dentro das famílias selecionadas. Questões devem ser respondidas sobre como selecionar os clones dentro das famílias e a manutenção do material genético, já que, ao ser colhida a parcela inteira, fica impraticável a separação dos clones depois de colhidos. Uma opção seria a montagem de um experimento adicional para que, após a seleção dos BLUPIS, fosse possível a seleção dos genótipos neste experimento ou, simplesmente, manter os materiais na câmara fria para posterior seleção dos genótipos.

2.3 Índices de seleção

A seleção com base em um ou poucos caracteres pode resultar em alterações desfavoráveis em outros, devido à presença de correlações genéticas negativas entre eles. Para amenizar este problema, uma estratégia que vem sendo utilizada pelos melhoristas é o emprego dos índices de seleção, os quais possibilitam agregar múltiplas informações contidas na unidade experimental, visando à seleção com base em um conjunto de variáveis que reúna vários atributos de interesse econômico (Cruz & Regazzi, 2001).

Uma alternativa para auxiliar a seleção de indivíduos superiores são os índices de seleção. Diversos são os índices descritos na literatura que se baseiam nas médias fenotípicas para a sua composição. O índice de seleção é a combinação linear de valores fenotípicos, o qual resulta numa medida que concentram, num único valor, os méritos e os deméritos de cada genótipo para vários caracteres (Garcia & Souza Júnior, 1999).

A utilização dos índices de seleção é limitada, em algumas situações, pela dificuldade de estabelecimento de pesos econômicos aos vários caracteres. A eficiência do índice dependerá das estimativas precisas de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas (Garcia, 1998; Cruz & Regazzi, 2001).

No programa de melhoramento de batata da Universidade Federal de Lavras, um índice comumente utilizado é o índice de Mulamba-Mock (1978), que caracteriza-se por classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável aos objetivos do melhorista. O índice é obtido somando-se os valores de classificação para cada caráter, de cada genótipo:

$$I_i = \sum_{j=1}^{\chi} n_{ij}$$

em que:

I_i : índice para o genótipo i ;

n_{ij} : posto de classificação da variável j para o genótipo i ; $j=1,2,\dots,\chi$.

Alternativa que surge na literatura são os índices baseados em distâncias em relação a um ideótipo, como a euclidiana e a generalizada de Mahalanobis, recomendados por Santos (2005) e Farias (2005). A primeira é preferível quando não houver correlações entre os caracteres que são utilizados para compor o índice e por ser de mais fácil interpretação dos valores obtidos.

Inicialmente proposto por Schwarzbach (1972), citado por Wricke & Weber (1986), o índice de seleção baseado na distância média euclidiana a um ideótipo pressupõe que os valores fenotípicos sejam boas aproximações dos genotípicos e obtêm-se, a partir das médias fenotípicas, distâncias de cada genótipo a um genótipo ideal, fixado pelo melhorista para todos os n caracteres considerados. Uma questão que surge é que a distância euclidiana possui os inconvenientes de ser alterada com a mudança de escala de medição dos caracteres, com o número de caracteres, e de não levar em conta a existência de correlações entre os mesmos (Cruz & Regazzi, 2001).

Segundo Santos (2005), o problema da escala é contornado por meio da padronização dos dados, ou seja, da divisão de cada observação pelo desvio padrão correspondente:

$$Z_{ij} = \frac{X_{ij}}{s_j}$$

em que:

Z_{ij} : observação fenotípica estandardizada do caráter j, medido no genótipo i;

X_{ij} : fenótipo do caráter j no genótipo i;

s_j : desvio padrão do caráter j.

Esta estandardização evita que caracteres medidos numa escala maior tenham maior peso no valor de distância e também permite que se incluam num mesmo valor de distância caracteres medidos em escalas não comparáveis.

O problema do número de caracteres ocorre quando, por algum motivo, um ou mais caracteres não são medidos num dado genótipo, o que é resolvido dividindo-se a distância euclidiana pelo número de caracteres e, desse modo, a distância euclidiana média estandardizada entre o genótipo i e o ideótipo ℓ é definida pela seguinte expressão:

$$dm_{G_i\ell} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (Z_{ij} - Z_{\ell j})^2}$$

em que:

$dm_{G_i\ell}$: distância euclidiana entre o genótipo G_i e o ideótipo ℓ ;

Z_{ij} : observação fenotípica estandardizada do caráter j , medido no genótipo i ; $j=1,2,\dots,n$;

$Z_{\ell j}$: observação fenotípica estandardizada do caráter j , medido no ideótipo ℓ , $j=1, 2, \dots, n$.

Segundo Santos (2005), esta distância difere da distância euclidiana apenas por ser dividida pelo número de caracteres (n), o que permite a comparação de valores de distâncias obtidos a partir de números diferentes de observações.

Para se obter uma boa estimativa da distância, dados genotípicos podem ser utilizados no lugar dos dados fenotípicos com a utilização da metodologia REML/BLUP, o que está de acordo com o proposto inicialmente por Schwarzbach (1972) que pressupunha que os dados fenotípicos se aproximassem dos dados genotípicos.

Segundo Santos (2005), a principal limitação da distância euclidiana, que só pode ser superada por meio do uso de outra medida de distância, é o fato de ela pressupor que os caracteres são independentes entre si, isto é, não correlacionados, o que nem sempre é verdadeiro, principalmente quando se trabalha com vários caracteres, como é o caso dos índices de seleção.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material genético

Foram utilizadas 22 famílias clonais (Tabela 1) do Programa de Melhoramento da Batata (Probatata) da Universidade Federal de Lavras (UFLA). Cada família continha cerca de 42 clones de quarta geração. Foram utilizadas como testemunhas cultivares de uso na região do sul de Minas Gerais ('Markies', 'Monalisa' e 'Ágata').

TABELA 1 Relação das famílias de irmãos-germanos e suas respectivas genealogias.

Famílias	Cruzamentos*	Famílias	Cruzamentos*
1	SR1 4-01 x SR1 4-19	12	SR1 5-08 x SR1 7-01
2	SR1 4-01 x SR1 5-08	13	SR1 7-14 x SR1 5-08
3	SR1 4-04 x SR1 4-19	14	CBM 7-12 x Governstein
4	SR1 4-04 x SR1 7-14	15	MHB 28-16 x NES 3-42
5	SR1 4-19 x SR1 5-04	16	Deltagold x GBA 7-12
6	SR1 5-08 x SR1 4-19	17	Chiquita x GBA 7-12
7	SR1 4-19 x SR1 6-14	18	SR1 7-01 x SR1 7-38
8	SR1 7-01 x SR1 4-19	19	CBM 7-12 x Chiquita
9	SR1 7-14 x SR1 4-19	20	SR1 4-19 x SR1 7-30
10	SR1 5-08 x SR1 5-04	21	GBA 3-44 x Chiquita
11	SR1 7-14 x SR1 5-04	22	CBM 8-17 x CBM 10-27

* Fonte: Benites (2007).

3.2 Locais

Os experimentos foram realizados na área experimental do Departamento de Biologia da UFLA, em Lavras, MG a 21°14' de latitude S, 40°17' de longitude W e altitude de 918m; outro experimento foi montado em uma fazenda de produção comercial de batata localizada em Senador Amaral, MG, a 1.530 metros de altitude, 22°33' S de latitude e 46°11' W de longitude.

3.3 Experimentos

3.3.1 Primeira etapa de seleção

Foram conduzidos experimentos distintos para avaliar o desempenho das famílias (seleção de famílias) e para avaliar os clones individuais (seleção clonal) em uma primeira etapa de seleção. Os materiais genéticos utilizados foram o mesmo para os dois métodos de seleção – o mesmo clone foi avaliado tanto na seleção clonal quanto na seleção de famílias (Figura 1).

Para a primeira etapa da seleção clonal foram avaliados 924 clones (22 famílias x 42 clones) no delineamento de blocos aumentados, com 31 blocos com 33 tratamentos em cada bloco (30 tratamentos regulares + 3 tratamentos comuns - testemunhas). As parcelas foram constituídas de quatro plantas espaçadas de 0,30 x 0,80 m. Entre as parcelas foi deixado um espaço livre de 0,50 m para evitar a mistura de tubérculos de diferentes clones. O experimento foi instalado na safra de inverno (maio a agosto de 2007), em Lavras, MG. Primeiramente, foram selecionados 420 clones (45,5%), numa tentativa de se manter o mesmo número de clones que seriam retidos na seleção de famílias. Posteriormente, os clones que apresentaram alta incidência de desordens fisiológicas (>10%) também foram descartados, resultando em 321 (34,8%) clones selecionados na primeira etapa de seleção.

Para a primeira etapa da seleção de famílias foram avaliadas 22 famílias clonais e mais 3 cultivares testemunhas ('Ágata', 'Monalisa' e 'Markies') em dois locais com experimentos em blocos casualizados com três repetições, parcelas de 10 plantas (cada planta um clone diferente) espaçadas de 0,30 x 0,80 m (3 repetições x 10 plantas por repetição = 30 clones por família). O primeiro experimento foi conduzido na safra de inverno (maio a agosto 2007), em Lavras, MG e o segundo na safra das águas (outubro 2007 a janeiro 2008), em Senador

Seleção clonal

Seleção de famílias

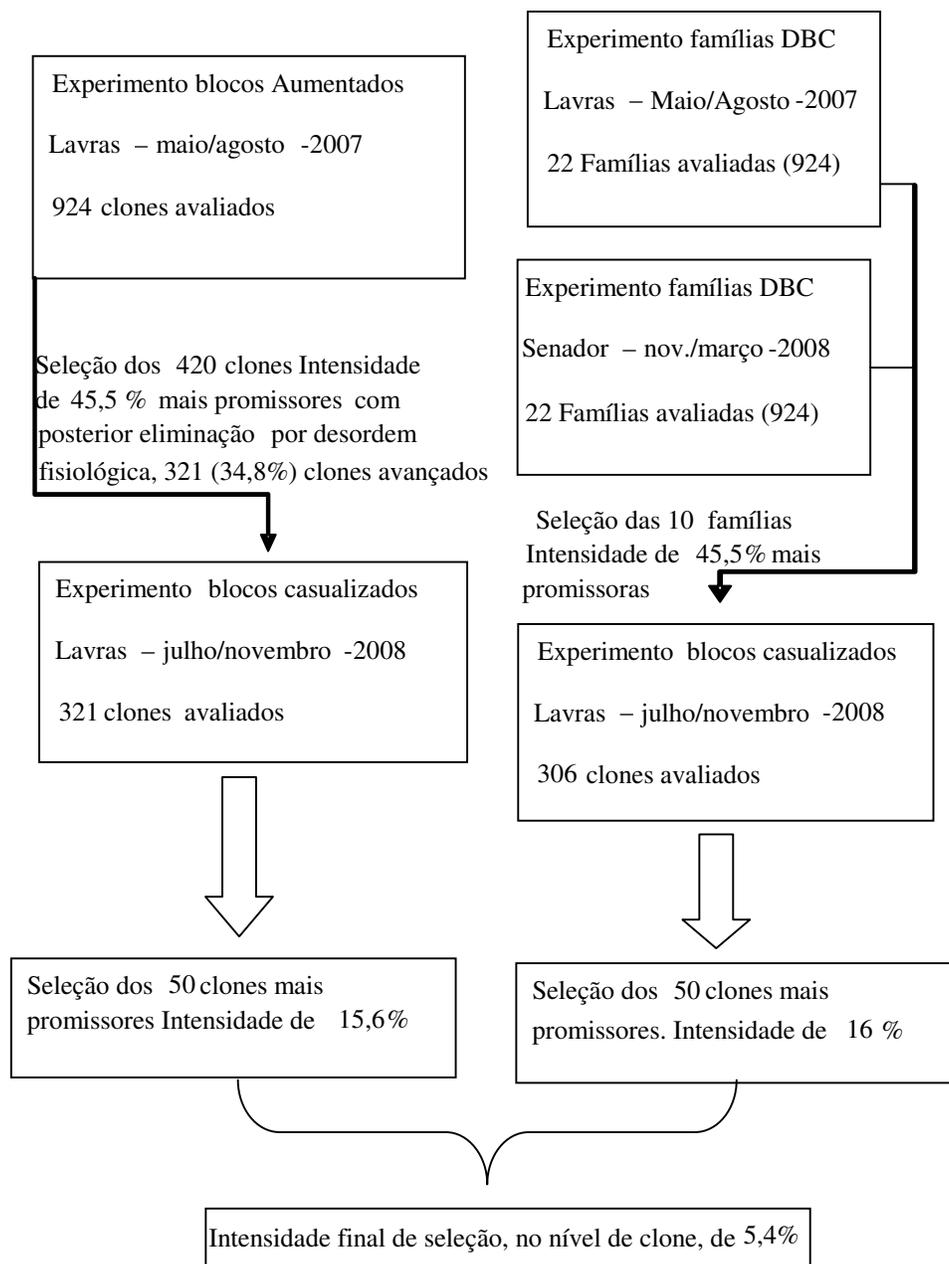


FIGURA 1 Esquema das duas fases de seleção.

Amaral, MG. Com base nos resultados obtidos por Melo (2007) optou-se por realizar uma seleção branda (45,5%) entre as famílias, utilizando-se a análise conjunta dos dois locais. Em relação ao número de clones avançados, esta seleção seria de 33,12%.

3.3.2 Segunda etapa de seleção

Na segunda fase de seleção, os tubérculos sementes obtidos não foram suficientes para montar dois experimentos para os clones que foram coincidentes nos dois métodos. Para contornar essa falta de material propagativo, foram montados três experimentos, sendo: o primeiro experimento continha os clones apenas selecionados pela seleção clonal, o segundo experimento foi composto pelos clones selecionado por ambos os métodos e o terceiro experimento aqueles selecionados pela seleção de famílias. Estes três experimentos foram alocados de forma que as repetições se sobrepusessem para que, na hora da análise estatística, facilitasse a união dos dois dados experimentais para compor a seleção (1° + 2°: seleção clonal; 2° + 3°: Seleção de famílias) (Figura 2).

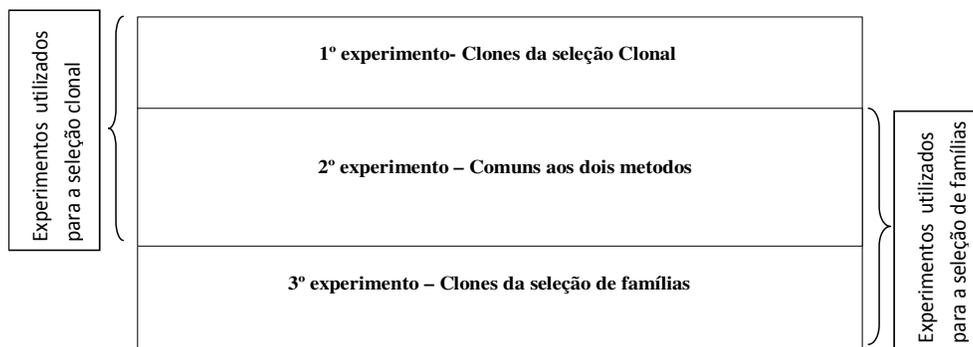


FIGURA 2 Esquema da montagem e uso dos três experimentos da segunda fase de seleção.

Para a segunda fase da seleção clonal, os clones selecionados na primeira etapa de seleção foram avaliados em experimento conduzido em Lavras, MG, safra de inverno (julho a novembro 2008), no delineamento de blocos casualizados com três repetições e parcelas de três plantas, espaçadas de 0,30 x 0,80 m, juntamente com as três testemunhas ('Ágata', 'Monalisa', 'Markies').

Para a segunda fase da seleção de famílias, foram avaliados, em média, 30 clones (total de 306 clones), juntamente com as três testemunhas ('Ágata', 'Monalisa' e 'Markies'). O experimento foi conduzido na safra de inverno (julho a novembro 2008), em Lavras, MG, no delineamento de blocos casualizados com três repetições e parcelas de três plantas, espaçadas de 0,30 x 0,80 m.

3.4 Caracteres avaliados

Em todos os experimentos descritos, os caracteres avaliados foram:

- a) produção de tubérculos comerciáveis (\emptyset transversal ≥ 33 mm);
- b) porcentagem de tubérculos graúdos (\emptyset transversal ≥ 45 mm);
- c) peso específico dos tubérculos;
- d) aparência geral de tubérculos;
- e) desordens fisiológicas.

3.5 Modelos estatísticos

Para a primeira etapa da seleção clonal foi utilizado o modelo M74 do programa estatístico SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2007a e b), para blocos aumentados com testemunhas de efeito aleatórias (Anexo 1-A). As análises seguem o seguinte modelo $y = Xf + Zg + Wb + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos assumidos como fixos (média geral), g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos ambientais de blocos (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de erros ou

resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para a primeira etapa da seleção de famílias, foi utilizado o modelo estatístico misto M20 (famílias não aparentados), do programa estatístico SELEGEN-REML/BLUP, para análise em cada local (Anexos 2-A). O M20 segue o seguinte modelo $y = Xr + Zg + e$, 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) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para a análise conjunta, foi utilizado o modelo M23 do programa estatístico SELEGEN-REML/BLUP (Anexo 3-A) e o modelo M54 foi utilizado para estimar o MHPRVG, que informa estabilidade, adaptabilidade e produtividade (Anexo 4-A). Os M23 e M54 seguem o seguinte modelo $y = Xr + Zg + Wi + e$, 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), 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. O vetor r 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.

Para a segunda etapa de seleção, foi utilizado o modelo 20 do programa estatístico SELEGEN-REML/BLUP, para os experimentos dos dois métodos de seleção avaliados e a análise da simulação da seleção entre e dentro (Anexo 2-A). O modelo é o mesmo apresentado na primeira fase de seleção de famílias nas análises individuais.

3.6 Índice de seleção

Por serem avaliados quatro caracteres, foi utilizado o índice baseado na distância euclidiana como critério de seleção.

O problema da escala, comentado por Santos (2005), foi contornado, por meio da padronização dos dados, pelo desvio padrão correspondente:

$$Z_{ij} = \frac{X_{ij}}{s_j}, \text{ em que:}$$

Z_{ij} : observação fenotípica estandardizada do caráter j , medida no genótipo i ;

X_{ij} : fenótipo do caráter j no genótipo i ;

s_j : desvio padrão do caráter j .

Para compor o ideótipo, foi tomado o melhor valor para cada caráter e a união destes caracteres formava-o.

A distância euclidiana média estandardizada entre o genótipo i e o ideótipo ℓ (melhor valor do caráter no experimento) é definida pela seguinte expressão:

$$dm_{G_i\ell} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (Z_{ij} - Z_{\ell j})^2}$$

em que:

$dm_{G_i\ell}$: distância euclidiana entre o genótipo G_i e o ideótipo ℓ ;

Z_{ij} : observação fenotípica estandardizada do caráter j , medido no genótipo i ; $j = 1, 2, \dots, n$.

$Z_{i\ell}$: observação fenotípica estandardizada do caráter j , medido no ideótipo ℓ .

3.7 Comparação entre a seleção clonal e a seleção de famílias

Para comparar a eficiência da seleção de famílias em relação à seleção clonal foi verificado, entre os 50 clones superiores de cada método, o número de

clones coincidentes. Foram verificados também, quantos clones selecionados (1º e 2º fases) pertenciam às famílias selecionadas na primeira etapa. Outra comparação foi realizada para localizar a classificação dos 20 ou 50 clones selecionados na segunda etapa no experimento clonal da primeira etapa.

3.8 Simulação da seleção entre e dentro

Na simulação foi realizada uma análise só contendo os clones selecionados pelos dois métodos (2º experimento, Figura 2), simulando uma seleção entre e dentro de famílias, em uma mesma etapa de seleção, com base na informação das duas análises da primeira etapa de seleção. A seleção foi realizada utilizando as informações dos experimentos de famílias (seleção entre), em que selecionou as 10 melhores famílias, e do experimento clonal (seleção dentro), em que separaram-se os clones que pertenciam às famílias selecionadas. Esta seleção se refere aos clones do 2º experimento (Figura 2) que foram selecionados por meio do modelo 20 do programa estatístico SELEGEN-REML/BLUP.

3.9 ganhos de seleção

A estimativa do ganho de seleção (GS) foi realizada pela fórmula:

$$GS(\%) = \left(\frac{MS - MG}{MG} \right) \times 100$$

em que MS é a média do valor genotípico predito dos selecionados e MG é o valor genotípico predito médio do experimento.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Primeira etapa de seleção

4.1.1 Seleção clonal

Na primeira etapa da seleção clonal, realizado para avaliar o desempenho dos 924 clones, os valores de acurácias da seleção de genótipos são considerados como favoráveis à seleção. As acurácias para PTG e PET apresentaram valores acima de 0,70, os quais, segundo Resende (2007), têm uma classe de precisão alta (Tabela 1-B). Mesmo para PTC e AGT, os valores da acurácia de seleção estão próximos ao recomendado. Sendo assim, a seleção realizada com base nestes caracteres apresentou bons resultados.

As herdabilidades de média de clones foram de magnitudes comumente encontradas para experimentos em batata pelo delineamento de blocos aumentados (Tabela 1-B). Estes valores de herdabilidade são bem próximos aos encontrados por Andrade (2008), em mesma condição experimental. Comparando-se as herdabilidades média de famílias (seleção de famílias) das análises individuais e a herdabilidade média de clones (seleção clonal), observa-se uma superioridade das herdabilidades média de família para os dois locais. Outros trabalhos também encontraram herdabilidades superiores nos experimentos de famílias, quando comparados com a seleção clonal (Skinner et al., 1987; Martins et al., 2005; Melo, 2007). Este fato reforça a preferência da seleção de famílias quando se seleciona com base em caracteres de baixa herdabilidade, que reportaria a melhores expectativas de ganhos com a seleção.

Pode-se verificar, por meio dos coeficientes de variação genotípica que existe grande variabilidade entre os clones e que se pode aplicar uma seleção com ganhos expressivos para todas as variáveis (Tabela 1-B). Outro ponto que corrobora para a eficiência da seleção é o valor da razão CV_g/CV_e , que foi de 1,18, 1,19, 0,92 e 1,38, para PTC, PTG, AGT e PET, respectivamente. Valores

acima de 1,0 significam maior porção de variabilidade genética, apresentando uma situação favorável para a seleção (Tabela 1-B).

Apesar de terem sido observadas boas estimativas de herdabilidades, CVr e acurácia de seleção, os ganhos esperados com a seleção não apresentaram bons valores. Isso pode ser decorrente da intensidade de seleção aplicada, em que a média dos clones selecionados se aproximou da média experimental.

Foram selecionados 45,5% (420 clones) dos clones superiores pelo ordenamento obtido pelo índice de seleção baseado na distância média euclidiana. Os clones que apresentaram desordens fisiológicas acima de 10% dos tubérculos produzidos foram eliminados por esse método de seleção e se foram também selecionados pela seleção de famílias foram mantidos porque nesta seleção esta informação não seria conhecida. Após a eliminação pelas desordens fisiológicas, foram avançados 321 clones para a segunda etapa de seleção. Os clones selecionados abrangeram todas as famílias clonais e, com base nela, as famílias que originaram os maiores números de clones superiores foram, na ordem decrescente, 19, 5, 18, 8, 9, 20, 14, 10, 17 e 4; quatro das dez famílias não foram identificadas como superiores na seleção de famílias. Esta coincidência (60%) do agrupamento dos clones em famílias com as famílias selecionadas dá indícios de que a maioria dos clones que são avançados para a próxima etapa seja a mesma.

4.1.2 Seleção de famílias

4.1.2.1 Análises por locais

Os coeficientes de variação ambiental (CVe) foram menores que os normalmente encontrados nos experimentos para seleção clonal (blocos aumentados), devido à utilização de repetições, acarretando em maior precisão que a seleção clonal. Para o experimento de Lavras, os valores de CVe foram menores que os valores encontrados para o experimento em Senador Amaral

(Tabela 2-B). O CVe é tido como referência sobre a precisão experimental e a qualidade da condução dos experimentos, contudo, há uma tendência de que ele ser substituído pela acurácia, por esta considerar tanto o CVe quanto o número de repetições, assim como o coeficiente de variação genotípico (CVg). Com o uso destes componentes pela acurácia fica mais precisa a comparação entre experimentos distintos.

Os valores do coeficiente de variação relativo (CVr) foram inferiores a 1,0, para os dois locais e todas as variáveis, exceto para PET em Lavras, que foi de 1,09 (Tabela 2-B). Apesar de serem menores que 1,0, estes valores seriam de grande valia para conseguir distinguir as diferenças mínimas entre as famílias e posterior seleção dentro. Segundo Resende & Duarte (2007), mesmo para valores de CVr abaixo de 1,0 ocorrem situações favoráveis para a seleção desde que os experimentos tenham sido avaliados com três ou mais repetições, como ocorreu no presente caso. Portanto, para apresentar valores de acurácias acima de 0,7, o CVr deve ser de 0,60 para experimentos com três repetições.

Confirmando o dito acima, as acurácias foram superiores ao valor dado como recomendado para a seleção, tanto em Lavras como em Senador Amaral (Tabela 2-B). Estas acurácias indicam que a seleção seria eficiente em distinguir diferenças entre os tratamentos nos dois locais de avaliação.

As herdabilidades da média de famílias (h^2_{mf}) estimadas em Lavras foram acima de 0,60 e, para Senador Amaral, acima de 0,48, indicando que boa proporção do diferencial de seleção será transmitida para a próxima etapa de seleção. Estes valores de herdabilidades para os dois locais foram superiores aos obtidos pelo experimento de seleção clonal. Este comportamento já era esperado, pois a seleção clonal utiliza o delineamento de blocos aumentados (baixa precisão) e a seleção de famílias utiliza delineamentos de blocos casualizados. Suas magnitudes associadas às acurácias apresentadas indicam

uma situação favorável para a seleção e boas perspectivas para o avanço do programa de melhoramento de batata (Tabela 2-B).

Os valores genotípicos preditos ($m+g$) oscilaram entre os locais. Lavras foi o local que apresentou melhores estimativas para PTC, PTG e AGT. Para PET, houve uma pequena diferença, da ordem de 1% de matéria seca entre os locais. Os valores genotípicos preditos para as famílias foram superiores para a PTC, PTG e PET em relação às testemunhas em Lavras. Já a aparência geral de tubérculos, as testemunhas foram superiores (cultivares comerciais). Em Senador Amaral, os valores genotípicos preditos foram superiores nas famílias para PET e igual para a PTG. Para PTC e AGT, as testemunhas foram superiores às famílias (Tabela 2-B).

Com base nos valores preditos e no índice de seleção da distancia média euclidiana, foi realizado o ordenamento das famílias para cada local. Este ordenamento foi diferente em cada local, tendo cinco famílias em comum entre os dois locais, considerando as 10 famílias selecionadas. Com este ordenamento diferente pode-se inferir que ocorre interação genótipos x ambientes (GxE) do tipo complexa, pois, famílias que eram superiores em um local não foram em outro. Para reafirmar presença da interação GxE, pode-se observar a correlação entre o ordenamento das famílias em Lavras e em Senador Amaral 0,26 (Tabela 5-B) e os valores do coeficiente de determinação da interação, a variância da interação e a correlação entre os valores preditos em cada local das variáveis PTC e PTG (Tabela 3-B). Estes comportamentos das famílias nos diferentes locais foram também encontrados em trabalhos com batata (Melo, 2007) e em cana-de-açúcar (Bastos et al., 2007; Bressiani et al., 2002; Oliveira et al., 2005; Zeni Neto et al., 2008). A possibilidade de selecionar famílias com boa estabilidade e adaptabilidade torna a seleção de famílias, nas primeiras fases de seleção de batata, uma boa opção para os programas de melhoramento da cultura.

4.1.2.2 Análise conjunta

A variância da interação genótipos x ambientes (Vint) foi mais expressiva para PTC e PTG (34% e 13% da variância fenotípica, respectivamente) (Tabela 3-B). Estes valores confirmam o já discutido anteriormente, que houve mudança de classificação entre as famílias em cada local de avaliação. Esse componente que informa a intensidade da interação GxE é o coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes. Este componente informa quanto da variação total deve-se à interação, corroborando os resultados expostos anteriormente sobre a interação, o que pode ser verificado em PTC e PTG (Tabela 3-B). Para os outros caracteres, os valores foram abaixo de 0,05, portanto, sendo de magnitudes inexpressivas, indicando não ser de grande interferência a seleção dos genótipos com base em locais, gerando praticamente o mesmo ordenamento das famílias, demonstrando que a interação foi predominantemente do tipo simples (Tabela 3-B).

A correlação genotípica entre o desempenho genotípico nos vários ambientes informa se o comportamento dos clones foi coincidente nos locais avaliados. A AGT e o PET apresentaram valores de grande magnitude de correlação (0,92 e 0,83, respectivamente) e para os outros caracteres os valores foram menores de 0,60 (Tabela 3-B). Com este fato, pode-se notar que, com essas altas correlações, o comportamento das famílias nos dois locais foi praticamente o mesmo (considerando cada caráter) ou oscilaram na mesma proporção entre elas. Já para as variáveis nas quais os valores de correlações entre locais foram baixos indicam que o comportamento das famílias foi não coincidente nos dois locais, gerando um ordenamento diferente em cada local. Como foi aplicado o índice de seleção com base nestes caracteres, o ordenamento obtido tende a ser diferente em cada local e estes, diferentes do ordenamento gerado pela análise conjunta. A interação foi mais intensa para PTC, apresentando valor extremamente baixo de correlação entre os locais

(0,012); mesmo com os outros caracteres com baixa interação GxE, na soma do índice, o valor apresentado pelo PTC inflacionou a interação, acarretando em ordenamento diferente nos dois locais. Os valores da acurácia da seleção de famílias (acfam) foram: 0,12 para PTC, 0,72 para PTG, 0,84 para AGT e 0,81 para PET (Tabela 3-B). Exceto a produção, os outros caracteres apresentam excelentes precisões de seleção, de acordo com sua acurácia. A produção teve baixa acurácia devido à grande interação GxE.

Um componente que tem alta correlação com a acurácia é a herdabilidade média de famílias (h^2_{mf}). Pode-se notar que um caráter com baixa correlação entre os locais, acurácia de seleção baixo, coeficiente de determinação da interação alto (acima de 0,1) e variância da interação alta têm sua herdabilidade predominantemente baixa, como pode ser observado na Tabela 3-B para PTC. O oposto também verdadeiro, verificado nas outras situações apresentadas na Tabela 3-B. Portanto, as altas herdabilidades (h^2_{mf}) encontradas foram devido às estimativas das acurácias e correlações entre os locais. Estas herdabilidades foram maiores que as encontradas no experimento de seleção clonal, com exceção da PTC, que foi baixa devido à grande interação GxE, mas, quando comparada com as análises individuais, foram superiores nos dois locais de avaliação (Tabelas 2-B e 3-B). Estas herdabilidades superiores são um bom indício de que a seleção de famílias obterá melhores ganhos na seleção que a seleção clonal.

Os coeficientes de variação ambiental foram menores do que os encontrados nos experimentos de clones individuais, salvo o peso específico que apresentou praticamente o mesmo valor para os dois métodos (Tabela 3-B). Os valores dos CVe foram próximos as encontrados por Melo (2007) para análise conjunta de experimentos de batata. Para todas as variáveis, o CVe foi superior ao CVgi, portanto, sua razão (CVgi/CVe), o CVr foi menor que 1,0. Por meio do valor do CVgi, obtém-se a resposta da existência de variabilidade entre as

famílias e que a seleção realizada com boa precisão retornará ganhos expressivos. Somada a esta informação, os valores de CVr apresentados, apesar de encontrarem-se abaixo de 1,0, quando avaliados em experimentos com seis repetições, ainda apresentariam situação satisfatória para a seleção. Isso porque, segundo Resende & Duarte (2007), este experimento apresentaria valores de F (de Snedecor) acima de 2,0 que é tido como uma situação favorável para a seleção.

Os valores genotípicos preditos pela análise conjunta foram inferiores aos valores encontrados para a análise individual em Lavras, para todos os caracteres avaliados e superiores aos de Senador Amaral, exceto os do peso específico de tubérculo. Os valores genotípicos preditos para PTC e PTG não foram diferentes para famílias e testemunhas, sendo praticamente iguais. Para AGT, as testemunhas foram superiores às famílias e, para PET, as famílias foram superiores às testemunhas (Tabela 3-B). Valores altos de AGT são normais entre as testemunhas, pois estas já são utilizadas como cultivares que, por exigência do mercado, têm pele lisa e brilhante. Entretanto, para valores de PET, elas deixam a desejar, por se tratarem de cultivares importadas e com baixo teor de matéria seca, sendo facilmente superadas pelos clones avaliados no programa de melhoramento da batata.

Apesar de a seleção de famílias apresentar ligeira superioridade das estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos, os ganhos esperados com a seleção são inferiores aos apresentados pela seleção clonal. Um motivo para este comportamento pode ser a própria natureza da seleção de famílias, que consiste em avaliar uma mistura de clones. Esta mistura de clones, em média, apresenta valores fenotípicos bem próximos, em que aquela família que apresentar um maior número de clones com bom potencial genético terá uma ligeira superioridade em relação às outras. Esta pequena variação e o pequeno diferencial de seleção explicam o pequeno ganho esperado observado

(Tabela 3-B). Estes ganhos foram menores que os encontrados por Simon (2005), em estudo com 22 famílias avaliadas em três locais.

Com base na análise conjunta e o índice de seleção da distancia média euclidiana que foram selecionadas as 10 famílias clonais, resultando numa intensidade de seleção de 45,5% (idem a seleção clonal). As famílias selecionadas pelo M23 foram 3, 9, 19, 2, 1, 4, 21, 10, 14 e 8, em ordem decrescente de classificação (Tabela 4-B). A seleção de famílias deve ser branda devido à sua pequena variância entre famílias, como comentado em Melo (2007).

Na Tabela 4-B é apresentada a classificação das famílias na primeira etapa de seleção pelos modelos estatísticos M23 ($\mu + g$) e M54 ($\mu + g + gem$), assim como pelos métodos MHRPVG (estabilidade e adaptabilidade de valores genéticos), PRVG (adaptabilidade de valores genéticos) e MHVG (estabilidade de valores genéticos), além das análises individuais em Lavras e Senador Amaral (análises individuais). Considerando apenas as 10 famílias selecionadas, os modelos M23 e M54 resultaram em 100% de coincidência, mas diferiram nos postos. Já comparando o M23 (ou M54) com os métodos MHRPVG, MHVG e RPVG, as coincidências foram, respectivamente, de 82%, 73% e 73%. Entre os MHRPVG, MHVH e PRVG, comparados dois a dois, as coincidências foram de 91%. Comparando-se o ordenamento das famílias em cada local com o M23 pode-se observar 92% de coincidência entre as famílias selecionadas em Lavras e 64% em Senador Amaral. Houve também 100% de coincidência entre os modelos M23 e M54 e os métodos MHRPVG, MHVG e PRVG, quando se consideram as seis melhores famílias. Em função dos altos níveis de coincidência das famílias selecionadas em todos os modelos e métodos empregados, qualquer um deles poderia ser utilizado. Contudo, o método MHRPVG possibilita a seleção de famílias mais estáveis e adaptadas e, por isso, apresenta vantagem adicional em relação às demais.

As correlações entre os índices obtidos para cada modelo e método, dois a dois, são apresentadas na Tabela 5B. Altas correlações foram encontradas para os M23 e M54 e os métodos MHRPVG, MHVG e PRVG (variaram de 0,99 a 0,90). Para as comparações entre os modelos e os métodos com as análises individuais, as correlações foram mais baixas (entre 0,26 a 0,88). A correlação entre as análises individuais também foi baixa (0,26), devido à interação GxE. Devido à interação genótipos x ambientes apresentar-se como causadora de ordenamentos diferentes entre os locais, deve-se optar pelo uso de mais de um local para a seleção de clones dentro das famílias com boa estabilidade e adaptabilidade, além de produtivo e com boa aparência.

4.2 Segunda etapa de seleção

Na segunda etapa de seleção, tanto para a seleção clonal quanto para a seleção de famílias, as testemunhas utilizadas não apresentaram o comportamento esperado. Este comportamento diferenciado pode ser explicado pelo desgaste da batata semente na hora em que foi utilizada na experimentação. Nos dois experimentos, as testemunhas não nasceram ou produziram quase nada. Devido a isso, elas foram omitidas das análises.

4.2.1 Seleção clonal

A análise dos dados da segunda etapa de seleção clonal foi realizada pelo modelo estatístico misto M20 do programa estatístico SELEGEN-REML/BLUP. Os valores genotípicos ($\mu + g$) preditos foram superiores aos encontrados na primeira etapa de seleção (Tabelas 1-B e 6-B). Em todos os caracteres, foi observado um aumento considerável na média geral do experimento, quando comparado com a primeira etapa de seleção clonal. Quando se observa o ganho realizado com a seleção, pode-se verificar que seus valores foram bem superiores que o esperado. As magnitudes dos ganhos realizados representam

que a seleção realizada na primeira etapa de seleção foi eficiente, apesar de os ganhos esperados terem dado indícios de que não seriam obtidos ganhos expressivos.

As herdabilidades médias de clones, cujos valores foram de 0,78 para PET, 0,69 para PTC, 0,75 para PTG e 0,64 para AGT, indicam ganhos de seleção promissores. As acurácias podem ser verificadas na Tabela 6-B, com valores de 0,88 para PET, 0,83 para PTC, 0,87 para PTG e 0,80 para AGT. Com base nestes valores, pode-se ter uma boa confiabilidade nas estimativas dos valores genotípicos. Com estas herdabilidade apresentadas e suas respectivas acurácias de seleção, pode-se inferir que a seleção realizada nesta etapa de seleção contará com ganhos expressivos na próxima etapa.

A razão CV_{gi}/CV_e (CV_r) é outro componente que informa se a situação é favorável à seleção ($>1,0$) ou não ($<1,0$). Nesta etapa de seleção, o CV_r do PET e PTG apresentam situação favorável para a seleção – em que a variância genética é superior à ambiental; já para PTC e AGT, os valores que indicam que a variância ambiental foi superior à genética (Tabela 6B). Mesmo para os valores de CV_r inferiores a 1,0, a situação pode ser favorável à seleção com acurácias de boa magnitudes, quando utilizadas três repetições ou mais (Resende & Duarte, 2007).

Em relação aos ganhos esperados com a seleção, pode-se observar que estes apresentam maiores expectativas que as geradas na primeira etapa de seleção clonal (Tabela 6B). Os valores preditos ($\mu + g$) dos quatro caracteres foram submetidos à formulação do índice de seleção da distância média euclidiana e a classificação dos 50 melhores clones é apresentada na Tabela 7B, nos Anexos. Pelos dados da Tabela 8-B podem ser observados os valores genotípicos preditos dos caracteres PET, PTC, PTG e AGT dos 50 clones selecionados para a próxima etapa de seleção, assim como a distância média euclidiana ao ideótipo.

4.2.2 Seleção de famílias

Com base no modelo M20, os valores genotípicos ($\mu + g$) preditos foram superiores aos encontrados na primeira etapa de seleção. Isto já era esperado, pois as famílias expressam o valor médio dos clones que pertencem a ela. Já quando se avalia em experimentos com repetições, os clones individuais pertencentes às melhores famílias, é esperado que estes produzam mais que a média da sua família amostrada (Tabelas 3-B e 9-B).

Pelos dados da Tabela 9-B pode-se observar que os valores genotípicos preditos têm acurácias relativamente altas. A escala dos valores da acurácia foi de 0,86 para PTC, 0,91 para PET, 0,90 para PTG e 0,84 para AGT. Estas acurácias revelam que os valores genotípicos preditos se encontram bem próximo do valor genotípico real dos clones e que uma seleção baseada nestes dados permitira ganhos significativos. As herdabilidades de médias de clones foram expressivas, indicando que grande parte do diferencial de seleção deve-se a fatores genéticos e será transferida para a próxima geração. Os valores das herdabilidades foram de 0,73 para PTC, 0,82 para PTG, 0,70 para AGT e 0,82 para PET (Tabela 9B).

A razão do CV_{gi}/CV_e apresentou valores de 0,96 para PTC, 1,25 para PET, 1,22 para PTG e 0,89 para AGT, indicando um bom potencial para a seleção. Estes valores, reforçados pelo número de repetições utilizadas, pode apresentar situações em que a seleção terá ganhos com a seleção e o melhorista pode confiar nos dados obtidos. Este conjunto de informações reporta a uma seleção baseada em dados muito bem experimentados e com boas perspectivas de expressivos ganhos com a seleção.

O ganho de seleção esperado para a próxima etapa se equivale aos encontrados pela segunda etapa de seleção clonal, apresentando ligeira superioridade da seleção de famílias (Tabela 9-B).

Os valores preditos ($\mu + g$) das quatro variáveis foram submetidos à formulação do índice de seleção baseado na distância média euclidiana e a classificação dos 50 melhores clones é apresentada na Tabela 7B. Na Tabela 10B podem ser observados os valores genotípicos preditos dos caracteres PET, PTC, PTG e AGT dos 50 clones selecionados para a próxima etapa de seleção, assim como a distância média euclidiana ao ideótipo.

4.2.3 Comparação entre os métodos – seleção clonal e seleção de famílias

Em uma apreciação preliminar, sobre a eficiência da seleção de famílias, pode-se inferir que, com os dados obtidos na primeira etapa de seleção, observaram-se grandes as chances de ser selecionado, pelos dois métodos, um grande número de clones idênticos, pois quase 60% dos indivíduos selecionados ou pela seleção clonal ou pela seleção de família, foram coincidentes. Este fato evidencia que, na seleção clonal, foram predominantemente selecionados os clones pertencentes às famílias selecionadas pela seleção de famílias.

Houve uma semelhança entre as estimativas dos valores da razão do CV_{gi}/CV_e , acurácia da seleção e herdabilidade média para todas as variáveis analisadas, nos dois métodos de seleção na segunda etapa de seleção, o que também se observou para os valores médios preditos. Os ganhos, como comentado anteriormente, foram praticamente os mesmos nos dois métodos de seleção (Tabelas 6B e 9B).

Na Tabela 7B são apresentados os clones selecionados pelos métodos de seleção empregados. Ao verificar a quais famílias pertenciam os 50 clones selecionados pela seleção clonal, observa-se que 34 clones (68%) pertenciam às famílias selecionadas na primeira etapa de seleção. Destes 34 clones, 91% (31 clones) foram selecionados na segunda etapa de seleção de família. Com menor intensidade de seleção (20 clones), 90% dos clones selecionados pela seleção clonal pertenciam às famílias selecionadas. Quando tomados como referência os

clones selecionados pela seleção de famílias, ocorre 60% de coincidência com a seleção clonal (50 clones selecionados), mas, quando se consideram 20 clones selecionados (seleção de famílias), a coincidência sobe para 65% entre os 50 selecionados da seleção clonal.

Uma informação que se pode tirar destas coincidências é que se fosse optado pela seleção de famílias, como método de seleção, a maioria dos clones elites da seleção clonal (20 ou 50 clones selecionados) estaria também incluída na sua seleção realizada na primeira etapa de seleção. No entanto, se optasse pela seleção clonal como método de seleção, boa parte dos clones elites (20 ou 50 clones selecionados) selecionados pela seleção de famílias estaria descartada logo na primeira fase de seleção.

O ordenamento dos 20 (ou 50) melhores clones da seleção de famílias entre os 924 clones avaliados na primeira etapa da seleção clonal demonstrou que seriam necessários manter de 690 a 728 clones para que o mesmo não fosse descartado pela seleção clonal. Isso demonstra que a seleção clonal é ineficiente, pois a intensidade de seleção teria de ser muito branda (entre 75% e 79%) para não eliminar clones promissores. Fazendo-se o mesmo ordenamento dos 20 ou 50 melhores clones da segunda etapa de seleção clonal, seria necessário manter 420 clones (entre os 924 clones), para que não houvesse descarte de qualquer clone selecionado posteriormente. Esse resultado reforça, mais uma vez, a ineficiência da seleção clonal. Este resultado também informa que a primeira etapa da seleção clonal (blocos aumentados) deve ser realizada uma intensidade seleção branda para que clones promissores não sejam descartados.

Portanto, além de apresentar ligeira superioridade (média dos selecionados, acurácias, herdabilidades e CV relativo) em relação ao método da seleção clonal, o método de seleção de famílias apresenta vantagem adicional e devido ao menor custo de experimentação (tamanho dos experimentos) e à possibilidade de avaliação em locais e/ou safras, podem-se selecionar clones

mais estáveis e adaptados a uma gama maior de locais. Além dessas vantagens adicionais, a seleção de famílias selecionou, na primeira etapa de seleção, praticamente todos os clones indicados como superiores pela seleção clonal (20 clones). Outra vantagem da seleção de famílias é a sua avaliação nas gerações iniciais (C1 e C2), em que a seleção clonal apresenta baixa correlação entre as gerações para caracteres de baixa herdabilidade (Lambert, 2004). A seleção de famílias contorna esta baixa herdabilidade, como já informado anteriormente, tornando-se, portanto, uma boa alternativa para a seleção precoce em batata (Simmonds, 1996; Gopal, 1997; Bradshaw et al., 2000; Simon, 2005; Melo, 2007).

4.3 Simulação da seleção entre e dentro

A seleção entre e dentro é realizada com base nas informações de famílias e clones individuais, em que são selecionadas as melhores famílias e, dentro delas, os melhores clones em uma mesma etapa de seleção. Esta seleção é tida como mais eficiente que a seleção entre as famílias e posterior seleção dentro, bem como a seleção de clones individuais (Martins et al., 2005). Neste intuito, foi realizada uma simulação, em que os clones foram selecionados pela informação da análise conjunta da seleção de famílias e pela informação de clones individuais da seleção clonal.

Os componentes de variância são apresentados na Tabela 11B. Por serem clones previamente selecionados, a média geral do experimento foi superior à média dos experimentos da seleção clonal e seleção de famílias (Tabelas 6B, 9B e 11B). Para os outros componentes de variância (CV relativo, acurácia de seleção, h^2 média de clone) apresentados por esta análise, foram praticamente os mesmos apresentados pela seleção de famílias e pela seleção clonal. Quanto aos ganhos esperados pela seleção entre e dentro, estes foram similares aos estimados pela seleção clonal e seleção de famílias, com ligeira

inferioridade em relação a PTC. Mas, quando se compra o ganho realizado com a seleção, este apresenta superioridade em relação aos outros dois métodos.

Em relação aos 50 clones selecionados pela seleção entre e dentro, pode-se observar que os primeiros 20 selecionados foram também selecionados tanto pelo método da seleção clonal quanto da seleção de famílias (Tabela 7B). Algumas vantagens adicionais referentes à seleção entre e dentro são a possibilidade de avançar um número reduzido de clones para a próxima geração e o ganho de tempo, por utilizar uma mesma safra para executar duas seleções (entre + dentro).

Vale ressaltar que a seleção entre e dentro exige que sejam plantados experimentos em famílias e que também sejam colhidas plantas individuais dentro das parcelas. Experimentos com este delineamento é possível de serem executados em batata, mas requerem um custo maior de operação e tempo de avaliação que a seleção de família. Entretanto, a seleção entre e dentro é mais vantajosa que a seleção clonal, que já tem um custo alto de experimentação e de operação. Fica comprometida a conclusão de uma preferência entre a seleção de famílias e a seleção entre e dentro, com os dados obtidos por este trabalho, principalmente quando se trata de seleção em estágios iniciais, em que a seleção de famílias já apresenta vantagens em relação à seleção clonal. Por isso, trabalhos voltados para verificar essa opção devem ser realizados com as gerações clonais iniciais (C1 e C2).

5 CONCLUSÕES

1. A intensidade realizada nos experimentos de blocos aumentados deve ser branda (em torno de 50%), para que não sejam descartados clones superiores que, por motivos ambientais e/ou experimentais, não tenham expressado seu potencial genético total.
2. A seleção de famílias foi mais eficiente em identificar os clones superiores do que a seleção clonal.
3. A seleção de família apresenta uma vantagem adicional, por oferecer menor custo de experimentação, possibilidade de avaliação em locais e/ou safras e utilização de delineamentos com repetições.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABBOTT, A.J.; ATKIN, R.K. (Ed.). **Improving vegetatively propagated crops**. London: Academic, 1987.
- ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. 3.ed. New York: J. Wiley, 1960. 485p.
- AMARO, G.B. **Seleção precoce de clones de batata para caracteres do tubérculo**. 2002. 73p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- ANDERSON, J.A.; HOWARD, H.W. Effectiveness of selection in the early stages of potato breeding programmes. **Potato Research**, Wageningen, v.24, p.289-299, 1981.
- ANDRADE, C.M. **Seleção de clones de batata portadores do alelo Ry_{adg} de resistência ao PVY por meio de marcador molecular**. 2008. 59p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- ANDREU, M.A. **Seleção de clones e identificação de marcadores genéticos para qualidade de processamento da batata**. 2004. 94p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- ANDREU, M.A.; PEREIRA, A. da S. Qualidade industrial de famílias clonais de batata. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.10, n.4, p.511-513, 2004.
- ANTUNES, F.Z.; FORTES, M. Exigências climáticas da cultura da batata. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.7, n.76, p.19-23, abr. 1981.
- BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; BRESSIANI, J.A.; SILVEIRA, L.C.I.; PETERNELLI, L.A. Selection of sugarcane families and parents by REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.5, p.443-450, 2005.

BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; PETERNELLI, L.A.; BRESSIANI, J.A.; SILVEIRA, L.C.I.; SILVA, F.L.; FIGUEIREDO, I.C.R. Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.4, p.218-226, 2004.

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**, Goiânia, v.37, n.4, p.195-203, 2007.

BENITES, F.R.G. **Seleção recorrente em batata visando tolerância ao calor**. 2007. 90p. Tese (Doutorado em Agronomia. Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

BHERING, L.L. **Seleção assistida por marcadores para a qualidade de processamento em batata**. 2006. 87p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

BRADSHAW, J.E.; DALE, M.F.B.; SWAN, G.E.L.; TODD, D.; WILSON, R.N. Early-generation selection between and within pair crosses in potato (*Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*) breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.97, n.8, p.1331-1339, Dec. 1998.

BRADSHAW, J.E.; MACKAY, G.R. Breeding strategies for clonally propagated potatoes. In: BRADSHAW, J.E.; MACKAY, G.R. (Ed.). **Potato genetics**. Wallingford: CAB International, 1994. p.467-497.

BRADSHAW, J.E.; TODD, D.; WILSON, R.N. Use of tuber progeny tests for genetical studies as part of a potato (*Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*) breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.100, n.5, p.772-781, May 2000.

BRESSIANI, J.A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. 2001. 104p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, SP.

BRESSIANI, J.A.; VENCOVSKY, R.; BURNQUIST, W.L. Interação entre famílias de cana-de-açúcar e locais: efeito na resposta esperada com a seleção. **Bragantia**, Campinas, v.61, n.1, p.1-10, 2002.

BRIGGS, K.G.; SHEBESKI, L.H. Visual selection for yielding ability of F₃ lines in a hard red spring wheat breeding program. **Crop Science**, Madison, v.10, n.4, p.400-402, 1970.

BROWN, J.; CALIGARI, P.D.S.; MACKAY, G.R.; SWAN, G.E.L. The efficiency of visual selection in early generations of a potato breeding programme. **Annals Applied Biology**, Warwick, v.110, n.2, p.357-363, Apr. 1987.

BRUNE, S.; LOPES, C.A.; BUSO, J.A. Melhoramento genético da batata no Brasil para a resistência à pinta preta (*Alternaria solani*). In: CIP (Centro Internacional da Batata). **Control integrado de las principales enfermedades fungosas de la papa**. Lima, 1995. p. 35-37.

CEDILLO, D.S.O.; FERREIRA, F.M.; BARROS, W.S.; CRUZ, C.D.; DIAS, L.A. dos S.; ROCHA, R.B.; Selection among and within and combined selection in oil palm families derived from Dura x Dura. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.38, n.1, p.65-71, jan./fev. 2008.

COX, M.C.; HOGARTH, D.M. The effectiveness of family selection in early stages of a sugarcane improvement program. In: AUSTRALIAN PLANT BREEDING CONFERENCE, 10., 1993, Bundaberg. **Proceedings...** Brisbane: 1993. p.53-54.

COX, M.C.; McRAE, T.A.; BULL, J.K.; HOGARTH, D.M. Family selection improves the efficiency and effectiveness of a sugarcane improvement program. In: WILSON, J.R.; HOGARTH, D.M.; CAMPBELL, J.A.; GARSIDE, A.L. (Ed.). **Sugarcane: research towards efficient and sustainable production**. Brisbane: CSIRO Division of Tropical Crops and Pasture, 1996. p.42-43.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2001. 390p.

DAHIYA, B.S.; WALDIA, R.S.; KAUSHIK, L.S.; SOLANKI, I.S. Early generation yield testing versus visual selection in chickpea (*Cicer arietinum* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.68, p.525-529, 1984.

DINIZ, M.C.D.R. **Número de clones por família, seleção clonal e seleção de famílias em programas de melhoramento de batata**. 2002. 125p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

- DINIZ, M.C.D.R.; PINTO, C.A.B.P.; LAMBERT, E. de S. Sample size for family evaluation in potato breeding programs. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.30, n. 2, p.277-282, 2006.
- DUARTE, J.B.; VENCOVSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.58, n.1, p.109-117. 2001.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. London: Longman, 1996. 464p.
- FARIAS, F.J.C. **Índice de seleção em cultivares de algodoeiro**. 2005. 121p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.
- FARIAS NETO, J.T. de; RESENDE, M.D.V. de; OLIVEIRA, M. do S.P. de; SANTOS N.S.A. dos; CANUTO, E.L.; NOGUEIRA, O.L.; MULLER, A.A. Avaliação genética de progênies de polinização aberta de açaí (*Euterpe oleracea*) e estimativas de parâmetros genéticos. **Cerne**, Lavras, v.13, n.4, p.376-383, out./dez. 2007
- FEDERER, W.T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaii Plant Records**. v.55, p.191-208, 1956.
- FERREIRA, R.P.; PEREIRA, A.V. Melhoramento de forrageiras. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p.781-812.
- FREY, K.J. Effectiveness of visual selection upon yield in oat crosses. **Crop Science**, Madison, v.2, n.2, p.102-105, 1962.
- GARCIA, A.A.F. **Índice para a seleção de cultivares**. Piracicaba, 1998. 112p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, SP.
- GARCIA, A.A.F.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Comparação de índices não paramétricos para seleção de cultivares. **Bragantia**, Campinas, v.58, n.2, p.253-267, 1999.
- GARCIA, C.H.; NOGUEIRA, M.C.S. Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v.68, p.107-112, 2005.

GOPAL, J. Between and within variation and family selection in potato breeding programmes. **Journal of Genetics and Breeding**, New Jersey, v.36, p.201-208, 2001.

GOPAL, J. Progeny selection for agronomic characters in early generations of potato breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.95, n.3, p.307-311, Aug. 1997.

GOPAL, J.; GAUR, P.C.; RANA, M.S. Early generation selection for agronomic characters in a potato breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.84, n.5/6, p.709-713, Aug. 1992.

HAYNES, K.G. WILSON, D.R. Correlations for yield and specific gravity between potato tuberling second year field generations. **American Potato Journal**, Orono, v.69, n.12, p.817-826, Dec. 1992.

JACKSON, P.A.; McRAE, T.A. Gain from selection of broadly adapted and specifically adapted sugarcane families. **Field Crops Research**, Amsterdam, v.59, p.151-162, 1998.

JACKSON, P.A.; McRAE, T.A.; HOGARTH, D.M. Selection of sugarcane families across variable environments. I. Sources of variation and an optimal selection index. **Field Crops Research**, Amsterdam, v.43, n.2/3, p.109-118, 1995a.

JACKSON, P.A.; McRAE, T.A.; HOGARTH, D.M. Selection of sugarcane families across variable environments. II. Patterns of response and association with environmental factors. **Field Crops Research**, Amsterdam, v.43, n.2/3, p.119-130, 1995b.

KAGEYAMA, P.Y.; VENCOSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. **IPEF**, Piracicaba, v.24, p.9-26, 1983.

KIMBENG, C.A.; COX, M.C. Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. **Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists**, Baton Rouge, v.23, p.20-39, 2003.

KIMBENG, C.A.; FROYLAND, D.; APPO, D.; CORCORAN, A.; HETHERINGTON, M. An appraisal of early generation selection in sugarcane breeding. **Proc ISSCT**, South Brisbane, v.24 p.488-493, 2001.

LAMBERT, E. de S. **Estratégias para o melhoramento da batata para condições tropicais**. 2004. 142p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A method of analyzing cultivar x location x year experiments: a new stability parameter. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.76, p.425-430, 1988.

MACKAY, F.R. Selection and breeding for better potato cultivars. In: ABBOTT, A.J.; ATKIN, R.K. (Ed.). **Improving vegetatively propagated crops**. London: Academic, 1987. p.181-196.

MARIS, B. Correlations within and between characters between and within generations as a measure for the early generations selection in potato breeding. **Euphytica**, Wageningen, v.37, n.3, p.205-224, 1988.

MARTINS, I.S.; CRUZ, C.D.; ROCHA, M. das G. de B.; PIRES, I.E. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênies de *Eucalyptus grandis*. **Cerne**, Lavras, v.11, n.1, p.16-24, 2005.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A.A.F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p.225-274.

McRAE, T.A.; HOGATH, D.M.; FOREMAN, J.W.; BRAITHWAITE, M.J. Selection of sugarcane seedling families in Burdekin district. In: AUSTRALIAN PLANT BREEDING CONFERENCE, 10., 1993, Gold Coast. **Proceedings...** Gold Coast: The Organizing Committee, 1993. v.1, p.77-82.

MELO, D.S. **Viabilidade da seleção precoce de famílias clonais de batata**. 2007. 83p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MENEZES, C.B. de; PINTO, C.A.B.P.; NURMBERG, P.L.; LAMBERT, E.S. Combining ability of potato genotypes for cool and warm seasons in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.1, n.2, p.145-157, Apr./June 2001.

MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the eto blanco maize (*Zea Mays L.*) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v.7, n.1, p.40-51, 1978.

NEELE, A.E.F.; LOUWES, K.M. Early selection for chip quality and dry matter content in potato seedling populations in greenhouse or screenhouse. **Potato Research**, Wageningen, v.32, p.293-300, 1989.

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

OLIVEIRA, R.A. de; DAROS, E.; BESPALHOK-FILHO, J.C.; ZAMBON, J.L.C.; IDO, O.T.; WEBER, H.; RESENDE, M.D.V. de; ZENI-NETO, H. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. **Scientia Agraria**, Curitiba, v.9, n.3, p.269-274, 2008.

PEDROZO, C.Â.; BENITES, F.R.G.; BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V. de; SILVA, F. L. da. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. **Scientia Agraria**, Curitiba, v.10, n.1, p.031-036, 2009.

PEREIRA, A. da S. Desenvolvimento de cultivares nacionais de batata. **Batata Show**, Itapetininga, v.3, n.7, p.12-13, jul. 2003.

PEREIRA, A. da S.; COSTA, D.M.; DANIELS, J.; VENDRUSCO, J.L.S.; FORTES, G.R.L.; BERTONCINI, O.; HIRANO, E.; CHOER, E.; AUGUSTIN, E.; GOMES, C.B. BRS Eliza: cultivar de batata para mesa, com película lisa e resistência à pinta-preta e à quequeima. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.19, n.3, p.391-392, 2001.

PEREIRA, A. da S.; DANIELS, J. **O cultivo da batata na região sul do Brasil**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2003. 567p.

PINTO, C.A.B.P. Melhoramento genético da batata. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.20, n.197, p.120-128, mar./abr. 1999.

PINTO, C.A.B.P. Métodos de melhoramento aplicados às plantas de propagação vegetativa. In: SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS: genética e melhoramento de espécies de propagação vegetativa, 4., 2000, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2000. p.76-97.

PINTO, C.A.B.P.; VALVERDE, V. I. R.; ROSSI, M. S. Eficiência da seleção nas primeiras gerações clonais em batata (*Solanum tuberosum* L.). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.29, n.5, p.771-778, maio 1994.

RESENDE, M.D.V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa, 2002. 975p.

RESENDE, M.D.V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 65p. (Documentos, 100).

RESENDE, M.D.V. de. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 435p.

RESENDE, M.D.V. de. **Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 435p.

RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M.H.P. Selection via simulated Blup based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 3, p. 421-429, 2006.

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v.37, n.3, p.182-194, set. 2007.

RESENDE, M.D.V.; PRATES, D.F.; JESUS, A.; YAMADA, C.K. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em Pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n.32/33, p.18-45, 1996.

RESENDE, M. D. V. ; THOMPSON, Robin . Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 22, n. 2, p. 1-22, 2004.

ROCHA, M. das G. de B.; PIRES, I.E.; XAVIER A.; CRUZ, C. D.; ROCHA, R. B. Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de Eucalyptus urophylla utilizando os procedimentos REML/BLUP e E(QM). **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 16, n. 4, p. 369-379, 2006.

RODRIGUES, A.F.S.; PEREIRA, A. da S.; Correlações inter e intragerações e herdabilidade de cor de chips, matéria seca e produção de batata. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n.5, p. 599-604, maio 2003.

- SANTOS, V. da S. **Seleção de pré-cultivares de soja baseada em índices**. 2005. 104p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.
- SCHAALJE, G.B.; LYNCH, D.R.; KOZUB, G.C. Field evaluation of a modified augmented design for early stage selection involving a large number of test lines without replication. **Potato Research**, Wageningen, v.30, n.1, p.35-45, Mar. 1987.
- SEARLE, S.R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C. **Variance components**. New York: J. Wiley, 1992. 501p.
- SHANTHI, R.M.; BHAGYALAKSHMI, K.V.; HEMAPRABHA, G.; ALARMELU, S.; NAGARAJAN R. Relative performance of the sugarcane families in early selection stages. **Sugar Tech**, Índia, v.10, n.2, p.114-118, 2008.
- SILVA, G.O. da; PEREIRA A. da S.; SOUZA, V.Q.; CARVALHO, F.I.F. de; FRITSCH NETO, R. Parâmetros genéticos em primeiras gerações de seleção de batata (*Solanum tuberosum* L.). **Magistra**, Cruz das Almas, BA, v.19, n.2, p.98-103, abr./jun. 2007.
- SILVA, G.O. da; PEREIRA, A.S.; SOUZA, V.Q.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; BERTAN, I.; FRITSCH NETO, R. Importância de caracteres na dissimilaridade de progênies de batata em gerações iniciais de seleção. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.1, p.141-144, 2008.
- SILVA, M.A.; LANDELL, M.G.A.; GONÇALVES, P.S.; BRESSIANI, J.A.; CAMPANA, M.P. Estimates of general and specific combining ability for yield components in a partial sugarcane diallel cross. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.4, p.107-112, 2002.
- SIMMONDS, N.W. Family selection in plant breeding. **Euphytica**, Wageningen, v.90, n.2, p.201-208, 1996.
- SIMON, G.A. **Interação famílias por ambientes e seleção de clones de bata resistentes à pinta preta e tolerantes ao calor**. 2005. 114 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- SKINNER, J.C.; HOGARTH, D.M.; WU, K.K. Selection methods, criteria and indices. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1987. p. 09-453.

SOUZA Jr., C.L. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba: FEALQ, 1989. 134p.

TAI, G.C.C. Effectiveness of visual selection for early clonal generation seedling of potato. **Crop Science**, Madison, v.15, n.1, p.15-18, Jan./Feb. 1975.

VAN DER ZAAG, D. E.; BURTON, W. G. Potencial yield of the potato crop and its limitations. EAPR. In: CONFERENCE SURVEY PAPERS, 7., 1978, Warsaw, Poland. **Proceedings...** Warsaw, Poland, 1978. p.7-22.

WRICKE, G.; WEBER, W.E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. New York: W. de Gruyter, 1986. 406p.

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**, Curitiba, v.9, n.4, p.425-430, 2008.

ANEXOS

ANEXO A		Página
MODELO 1A	Modelo estatístico 1 (delineamento em blocos aumentados (incompletos) Modelo 74 do SELEGEN-REML/BLUP).....	68
MODELO 2A	Modelo estatístico 2 (blocos completos um local (Modelo 20 do SELEGEN-REML/BLUP) clones não aparentados).....	69
MODELO 3A	Modelo estatístico 3: (blocos completos em vários locais (Modelos 23 do SELEGEN-REML/BLUP) famílias não aparentadas)	70
MODELO 4A	Modelo estatístico 4 (Método MHPRVG: Modelo 54 do SELEGEN-REML/BLUP).....	71
ANEXO B		
TABELA 1B	Componentes de variância (REML individual) para a produção de tubérculos comercializáveis (PTC), porcentagem de tubérculos graúdos (PTG), aparência geral de tubérculo (AGT) e peso específico de tubérculos (PET), referentes à primeira etapa de seleção clonal. Lavras, MG, 2007.....	73
TABELA 2B	Componentes de variância (REML individual) para a produção de tubérculos comercializáveis (PTC), porcentagem de tubérculos graúdos (PTG), aparência geral de tubérculo (AGT) e peso específico de tubérculos (PET), referentes às análises individuais dos experimentos da primeira etapa de seleção de famílias. Lavras e Senador Amaral, 2007.....	74

TABELA 3B	Componentes de variância (REML individual) para produção de tubérculos comercializáveis (PTC), porcentagem de tubérculos graúdos (PTG), aparência geral de tubérculo (AGT) e peso específico de tubérculos (PET), referentes à análise conjunta dos experimentos da primeira etapa de seleção de famílias. Lavras e Senador Amaral (M23 ou M54).....	75
TABELA 4B	Classificação das famílias pelos dos modelos estatísticos M23 (seleção de clones não aparentados, $\mu + g$), M54 ($\mu + g + gem$), MHPRVG (estabilidade e adaptabilidade de valores genéticos), PRVG (adaptabilidade de valores genéticos), MHVG (estabilidade de valores genéticos), Lavras e Senador (análises individuais).....	76
TABELA 5B	Correlações entre os índices de seleção baseados na distancia média euclidiana dos valores genotípicos para cada modelo e método.....	77
TABELA 6B	Componentes de variância (REML individual) para a produção de tubérculos comercializáveis (PTC), porcentagem de tubérculos graúdos (PTG), aparência geral de tubérculo (AGT) e peso específico de tubérculos (PET) da avaliação da segunda etapa da seleção clonal. Lavras, MG, dezembro de 2008.....	78
TABELA 7B	Cinquenta clones selecionados na segunda etapa de seleção clonal ou famílias ou seleção entre e dentro de famílias.....	79
TABELA 8B	Valores genotípicos preditos ($\mu + g$) dos melhores 50 clones da segunda etapa de seleção clonal. Lavras, MG, 2008.....	81
TABELA 9B	Componentes de variância (REML individual) para produção de tubérculos comercializáveis (PTC), porcentagem de tubérculos graúdos (PTG), aparência geral de tubérculo (AGT) e peso	

	específico de tubérculos (PET) da avaliação da segunda etapa da seleção de famílias. Lavras, MG, dezembro de 2008.....	83
TABELA 10B	Valores genotípicos preditos ($\mu + g$) dos melhores 50 clones da segunda etapa de seleção de famílias. Lavras, MG, 2008.....	84
TABELA 11B	Componentes de variância (REML individual) para a produção de tubérculos comercializáveis (PTC), porcentagem de tubérculos graúdos (PTG), aparência geral de tubérculo (AGT) e peso específico de tubérculos (PET), da avaliação da seleção entre e dentro. Lavras, MG, dezembro de 2008.....	86

ANEXO A MODELOS ESTADÍSTICOS

**Anexo A1 Modelo estatístico 1 (delineamento em blocos aumentados
(incompletos) Modelo 74 do SELEGEN-REML/BLUP)**

$y = Xf + Zg + Wb + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos assumidos como fixos (média geral), g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos ambientais de blocos (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Sequência de colunas no arquivo de dados:

Parcela Genótipo Média Bloco Obs/Parcela Variável 1 Variável 2

Interpretação dos resultados

Componentes de variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h^2g = h^2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c^2_{\text{bloc}} = c^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco.

h^2_{ngen} : herdabilidade ajustada da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa

Acgen: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Anexo A2 Modelo estatístico 2 (blocos completos um local (Modelo 20 do SELEGEN-REML/BLUP) clones não aparentados)

$y = Xr + Zg + e$, 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) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Sequência de colunas no arquivo de dados

Parcela Genótipo Repetição Obs/Parc Variáveis

Interpretação dos resultados

Componentes de variância (REML individual)

Vg: variância genotípica.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h^2g = h^2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$h^2mc = h^2mf$: herdabilidade da média de genótipo, assumindo ausência de perda de parcelas.

Acclon = acfam: acurácia da seleção de genótipos, assumindo ausência de perda de parcelas.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

$CVr = CVg/CVe$ = coeficiente de variação relativa.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo ausência de perda de parcelas.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo ausência de perda de parcelas.

Média geral do experimento.

Anexo A3 Modelo estatístico 3 (Blocos completos em vários locais (Modelos 23 do SELEGEN-REML/BLUP) famílias não aparentadas)

$y = Xr + Zg + Wi + e$, 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), 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. O vetor r 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.

Sequência de colunas no arquivo de dados

Parcela Genótipo Repetição Interação Local Variáveis; (A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo).

Interpretação dos resultados

Componentes de variância (REML individual)

Vg: variância genotípica.

Vint: variância da interação genótipo x ambiente.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2int = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente.

$h2mc = h2mf$: herdabilidade da média de genótipo (família), assumindo sobrevivência completa.

Acclon= Acfam: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Anexo A4 Modelo estatístico 4 (Método MHPRVG: Modelo 54 do SELEGEN-REML/BLUP)

$y = Xr + Zg + Wi + e$, 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), 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.

O vetor r 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.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios pode-se empregar o modelo 52, seguindo a sequência de colunas de tal modelo e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos nos vários locais.

Sequência de colunas no arquivo de dados

Local Parcela Genótipo Repetição Interação Obs/Parc Variáveis

Interpretação dos resultados

Componentes de variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vint: variância da interação genótipo x ambiente.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2int = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente.

$h2mg$: herdabilidade da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

Acgen: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

ANEXO B TABELAS

TABELA 1B Componentes de variância (REML individual) para a produção de tubérculos comercializáveis (PTC), porcentagem de tubérculos graúdos (PTG), aparência geral de tubérculo (AGT) e peso específico de tubérculos (PET), referentes à primeira etapa de seleção clonal. Lavras, MG, 2007

Componentes de variância (REML Individual)				
	PET	PTC	PTG	AGT
Variância genotípica	0,50*	28369,86	247,39	0,234
Variância de bloco	0,01*	1683,49	3,02	0,010
Variância residual	0,39*	42675,11	238,72	0,489
variância fenotípica individual	0,90*	72728,46	489,13	0,732
h ² de parcelas individuais	0,554 +- 0,067	0,390 +- 0,057	0,506 +- 0,069	0,320 +- 0,052
coeficiente de determinação bloc	0,010	0,0231	0,0062	0,013
h ² media genótipo	0,553	0,390	0,506	0,318
h ² média genótipo ajustada	0,559	0,399	0,507	0,324
Acurácia da seleção	0,744	0,624	0,712	0,565
Média geral	1,0771	424,11	61,10	2,8
Média clones	1,0772	422,5	54,5	2,8
Média testemunhas	1,0678	526	70,5	4,2
Media dos selecionados	1.0785	465.3	62.4	2,9
Ganho esperado (%)	0,13	9,7	14,5	3,6

* x 10⁻⁴

TABELA 2B Componentes de variância (REML individual) para a produção de tubérculos comercializáveis (PTC), porcentagem de tubérculos graúdos (PTG), aparência geral de tubérculo (AGT) e peso específico de tubérculos (PET), referentes às análises individuais dos experimentos da primeira etapa de seleção de famílias. Lavras e Senador Amaral, 2007

REML Individual	Lavras				Senador Amaral			
	PET	PTC	PTG	AGT	PET	PTC	PTG	AGT
Variância genotípica	0,25*	10153,43	63,54	0,23	0,24*	3052,15	70,97	0,16
Variância residual	0,21*	20755,72	117,69	0,37	0,78*	4489,83	162,11	0,44
Variância fenotípica ind.	0,45*	30909,16	181,24	0,60	1,02*	7541,99	233,08	0,60
h ² de parcela	0,545	0,328	0,350	0,382	0,23	0,41	0,31	0,27
	+ - 0,24	+ - 0,19	+ - 0,19	+ - 0,20	+ - 0,15	+ - 0,21	+ - 0,18	+ - 0,17
h ² média de família	0,78	0,59	0,62	0,65	0,48	0,670985	0,57	0,53
Acurácia de seleção	0,88	0,77	0,79	0,81	0,70	0,819137	0,76	0,73
CV genético (%)	0,46	19,7	12,17	13,84	0,46	31,610042	23,78	15,02
CV residual (%)	0,42	28,16	16,56	17,58	0,82	38,338665	35,96	24,5
CV relativo	1,09	0,68	0,73	0,79	0,56	0,824495	0,67	0,61
PEV	0,05*	4114,76	24,26	0,08	0,13*	1004,203	30,68	0,08
SEP	23,22*	64,15	4,92	0,28	35,42*	31,689178	5,54	0,28
Média geral	1,0719	511,58	65,50	3,5	1,0770	174,77	35,43	2,7
Média famílias	1,0727	520,88	65,65	3,4	1,0777	166,75	35,53	2,65
Média testemunhas	1,0660	443,32	64,42	4,2	1,0721	233,65	34,64	3,06

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, Média geral do experimento.

* x 10⁻⁴

TABELA 3B Componentes de variância (REML individual) para a produção de tubérculos comercializáveis (PTC), porcentagem de tubérculos graúdos (PTG), aparência geral de tubérculo (AGT) e peso específico de tubérculos (PET), referentes à análise conjunta dos experimentos da primeira etapa de seleção de famílias. Lavras e Senador Amaral (M23 ou M54)

Componentes de variância (REML Individual)				
	PET	PTC	PTG	AGT
Variância genotípica	0,2*	85,05	39,18	0,18
Variância da interação	0,04*	6545,88	28,16	0,015
Variância residual	0,49*	12615,10	139,05	0,403
Variância fenotípica ind.	0,74*	19246,04	206,37	0,60
h ² de parcela	0,276	0,0044	0,19	0,30
	+ - 0,12	+ - 0,015	+ - 0,10	+ - 0,13
h ² média de família	0,665	0,015	0,51	0,71
Acurácia de seleção	0,815	0,124	0,72	0,84
Coefficiente de determinação da interação	0,056	0,34	0,13	0,025
Correlação genotípica entre locais	0,829	0,012	0,58	0,93
CV genético (%)	0,420	2,69	12,40	13,87
CV residual (%)	0,652	32,72	23,36	20,62
Média geral	1,0744	343,18	50,47	3,1
Média famílias	1,0752	343,20	49,72	3,0
Média testemunhas	1,0685	342,96	49,31	3,7
Media dos selecionados	1.0752	343.7	51.3	3.1
Ganho esperado (%)	0,07	0,15	1,6	0

* x 10⁻⁴

TABELA 4B Classificação das famílias pelos dos modelos estatísticos M23 (seleção de clones não aparentados, $\mu + g$), M54 ($\mu + g + gem$), MHPRVG (estabilidade e adaptabilidade de valores genéticos), PRVG (adaptabilidade de valores Genéticos), MHVG (estabilidade de valores genéticos), Lavras e Senador (análises individuais).

Classificação	M23	M54	MHPRVG	PRVG	MHVG	Lavras	Senador
1	3	3	3	3	3	1	19
2	9	9	19	19	2	3	2
3	19	19	2	2	19	4	9
4	2	4	9	9	9	22	3
5	1	1	4	4	4	14	14
6	4	2	1	1	1	10	4
7	21	14	14	14	14	8	6
8	10	21	6	6	6	21	20
9	14	8	18	18	10	18	16
10	8	10	10	10	18	2	11
11	22	22	16	21	16	9	10
12	6	18	21	8	20	5	18
13	16	6	22	20	11	6	12
14	18	16	20	22	22	13	1
15	12	5	5	16	5	19	21
16	11	12	8	5	12	12	5
17	20	20	12	12	21	15	22
18	5	11	11	11	8	16	8
19	15	17	15	15	15	17	15
20	17	15	13	17	13	11	13
21	13	13	17	13	17	20	17
22	7	7	7	7	7	7	7

TABELA 5B Correlações entre os índices de seleção baseados na distância média euclidiana dos valores genotípicos para cada modelo e método.

Modelos e métodos	Correlações Pearson
MHRPVG x RPVG	0,99
MHRPVG x MHVG	0,98
RPVG x MHVG	0,98
M23 x MHRPVG	0,97
M23 x RPVG	0,95
M23 x MHVG	0,92
MHVG x Senador	0,88
RPVG x Senador	0,84
MHRPVG x Senador	0,82
M23 x Lavras	0,81
MHRPVG x Lavras	0,73
M23 x Senador	0,72
RPVG x Lavras	0,67
MHVG x Lavras	0,61
Lavras x Senador	0,26

TABELA 6B Componentes de variância (REML individual) para a produção de tubérculos comercializáveis (PTC), porcentagem de tubérculos graúdos (PTG), aparência geral de tubérculo (AGT) e peso específico de tubérculos (PET) da avaliação da segunda etapa da seleção clonal. Lavras, MG, dezembro de 2008.

Componentes de variância (REML individual)				
	PET	PTC	PTG	AGT
Variância genotípica	0,42*	101688,63	126,26	0,2
Variância residual	0,36*	140190,44	125,92	0,34
Variância fenotípica ind.	0,78*	241879,06	252,18	0,53
h ² de parcela	0,54	0,42	0,50	0,37
	+ - 0,067	+ - 0,06	+ - 0,065	+ - 0,06
h ² média de clone	0,78	0,68	0,75	0,64
Acurácia de seleção	0,88	0,83	0,86	0,8
CV genético (%)	0,61	32,48	13,73	20,02
CV residual (%)	0,56	38,14	13,71	26,1
CV relativo	1,08	0,85	1,0	0,77
PEV	0,09*	32017	31,50	0,07
SEP	30,57*	178,93	5,61	0,26
Média geral	1,0723	981,74	81,81	2,2
Média 50 selecionados	1,0769	1212,65	86,12	2,4
Ganho esperado (%)	0,42	23,5	5,3	9,1

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo ausência de perda de parcelas, SEP: desvio padrão do valor genotípico redito, assumindo ausência de perda de parcelas.

* x10⁻⁴.

TABELA 7B Cinquenta clones selecionados na segunda etapa de seleção clonal ou famílias ou seleção entre e dentro de famílias.

Classificação	Clonal	Entre e dentro	Famílias
1	10-32	4-35*	4-35
2	4-35	9-10*	9-10
3	9-10	1-12*	18-37
4	10-33	8-17*	8-17
5	1-06	1-06*	1-06
6	1-12	21-42*	8-19
7	8-17	14-04*	1-12
8	21-42	9-06*	9-06
9	14-04	4-34*	9-17
10	4-21	4-21*	21-42
11	4-34	14-20*	18-55
12	8-16	8-16*	14-20
13	9-06	1-24*	4-34
14	1-24	9-21*	14-04
15	9-14	21-34*	18-19
16	9-21	1-04*	8-38
17	13-31	9-14*	1-21
18	14-20	1-20*	18-29
19	5-31	18-41*	4-21
20	10-03	19-26*	8-16
21	22-18	18-11	19-23
22	17-04	14-28	1-05
23	1-04	1-03	19-21
24	18-11	14-37	1-16
25	14-28	1-11	9-21
26	1-03	1-08	21-34
27	21-34	14-10	1-24
28	19-26	4-18	18-11
29	14-37	18-29	19-26
30	1-20	8-06	14-37
31	6-46	19-56	9-14
32	18-41	19-06	14-28

...Continua...

TABELA 7B cont.

33	14-10	14-14	1-03
34	11-04	18-09	1-20
35	5-17	2-20	1-04
36	19-56	4-28	2-09
37	18-29	14-33	18-41
38	11-15	18-51	19-56
39	13-26	21-26	14-10
40	4-18	18-33	8-06
41	14-14	5-25	14-17
42	8-06	8-23	18-10
43	1-08	1-18	9-09
44	19-06	14-22	8-26
45	1-11	8-13	14-14
46	18-09	21-31	18-27
47	6-13	8-34	19-54
48	12-13	14-16	1-11
49	20-28	3-06	21-37
50	17-08	18-14	4-18

*Clones selecionados pelos dois métodos de seleção (Clonal e Famílias).

TABELA 8B Valores genotípicos preditos ($\mu + g$) dos melhores 50 clones da segunda etapa de seleção clonal. Lavras, MG, 2008.

Posição	Clones ideótipo	PET	PTC	PTG	AGT	dmeuclidiana
		1,0951	1968,75	94,41	3,7	0,0000
1	10-32	1,0807	1527,29	81,40	2,5	2,6834
2	4-35	1,0750	1194,31	91,34	3,2	2,8888
3	9-10	1,0761	1432,05	85,01	2,5	3,3335
4	10-33	1,0736	1968,75	91,66	2,4	3,3611
5	1-06	1,0773	1085,83	85,23	2,8	3,4036
6	1-12	1,0809	958,17	82,90	2,8	3,4566
7	8-17	1,0814	1102,73	86,36	2,5	3,4722
8	21-42	1,0785	1180,84	93,79	2,4	3,7523
9	14-04	1,0796	1020,97	81,65	2,6	3,8207
10	4-21	1,0741	1218,75	85,33	2,6	3,8849
11	4-34	1,0762	1405,33	85,11	2,3	3,9031
12	8-16	1,0737	1294,80	89,81	2,5	3,9154
13	9-06	1,0839	1427,49	84,01	2,0	3,9755
14	1-24	1,0760	899,24	89,66	3,0	3,9932
15	9-14	1,0692	1196,35	87,35	3,1	4,0041
16	9-21	1,0774	992,79	87,05	2,6	4,0180
17	13-31	1,0737	1163,71	80,65	2,7	4,0199
18	14-20	1,0784	1690,81	91,54	2,0	4,0509
19	5-31	1,0849	1043,58	79,38	2,3	4,0733
20	10-03	1,0743	1403,51	89,26	2,3	4,1197
21	22-18	1,0781	1289,09	86,76	2,2	4,1687
22	17-04	1,0782	1244,55	92,54	2,2	4,2007
23	1-04	1,0758	1007,50	88,41	2,6	4,2138
24	18-11	1,0743	1247,52	87,61	2,4	4,2233
25	14-28	1,0774	1173,86	85,48	2,3	4,2462
26	1-03	1,0758	999,96	65,84	3,3	4,2505
27	21-34	1,0825	1067,56	89,23	2,2	4,2614
28	19-26	1,0765	1192,26	91,64	2,3	4,2739
29	14-37	1,0731	1424,29	88,48	2,3	4,2835
30	1-20	1,0780	1032,39	89,91	2,4	4,2966

...Continua...

TABELA 8B cont.

31	6-46	1,0835	1274,02	82,75	2,0	4,3817
32	18-41	1,0814	967,53	92,29	2,3	4,3830
33	14-10	1,0697	1530,94	91,49	2,4	4,3968
34	11-04	1,0813	1005,67	82,48	2,3	4,4268
35	5-17	1,0772	1197,97	91,74	2,2	4,4610
36	19-56	1,0706	1934,49	89,61	2,2	4,4829
37	18-29	1,0725	1352,12	79,25	2,4	4,4920
38	11-15	1,0806	975,07	87,08	2,3	4,5012
39	13-26	1,0789	862,93	93,36	2,5	4,5211
40	4-18	1,0749	959,99	79,38	2,7	4,5341
41	14-14	1,0716	1351,89	81,73	2,4	4,5661
42	8-06	1,0747	1329,28	85,78	2,2	4,5750
43	1-08	1,0770	859,28	89,38	2,6	4,5780
44	19-06	1,0731	1082,86	90,28	2,5	4,5984
45	1-11	1,0803	996,08	80,13	2,3	4,6429
46	18-09	1,0728	1264,42	89,26	2,3	4,6793
47	6-13	1,0721	1795,41	83,48	2,1	4,7039
48	12-13	1,0776	1226,28	76,45	2,2	4,7131
49	20-28	1,0783	801,27	84,23	2,6	4,7367
50	17-08	1,0818	978,95	81,58	2,2	4,7958

dmEuclidiana = distancia média euclidiana.

TABELA 9B Componentes de variância (REML individual) para a produção de tubérculos comercializáveis (PTC), porcentagem de tubérculos graúdos (PTG), aparência geral de tubérculo (AGT) e peso específico de tubérculos (PET) da avaliação da segunda etapa da seleção de famílias. Lavras, MG, dezembro de 2008.

Componentes de variância (REML Individual)				
	PET	PTC	PTG	AGT
Variância genotípica	0,46*	113004,91	190,56	0,27
Variância residual	0,3*	122626,14	128,43	0,35
Variância fenotípica ind.	0,76*	235631,06	318,99	0,62
h ² de parcela	0,61 +- 0,07	0,48 +- 0,07	0,60 +- 0,07	0,44 +- 0,06
h ² média de clone	0,83	0,73	0,82	0,70
Acurácia de seleção	0,91	0,86	0,90	0,84
CV genético (%)	0,63	35,03	17,38	22,09
CV residual (%)	0,51	36,48	14,27	24,82
CV relativo	1,25	0,96	1,22	0,89
PEV	0,08*	30017,61	34,96	0,08
SEP	28,56*	173,26	5,91	0,28
Média geral	1,0723	959,73	79,40	2,4
Média 50 selecionados	1,0768	1216,74	84,16	2,6
Ganho esperado (%)	0,41	26,8	6,0	8,33

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo ausência de perda de parcelas, SEP: desvio padrão do valor genotípico redito, assumindo ausência de perda de parcelas.

* x10⁻⁴.

TABELA 10B Valores genotípicos preditos ($\mu + g$) dos melhores 50 clones da segunda etapa de seleção de famílias. Lavras, MG, 2008.

Posição	Clones ideótipo	PET	PTC	PTG	AGT	dmEuclidiana
		1,0964	2033,81	95,08	3,9	0,0
1	4-35	1,0751	1203,74	91,73	3,3	2,7535
2	9-10	1,0764	1458,56	84,84	2,6	2,9661
3	10-33	1,0737	2033,81	92,08	2,5	2,9796
4	18-37	1,076	1507,52	86,83	2,5	3,1148
5	8-17	1,0819	1105,58	86,31	2,6	3,1179
6	1-06	1,0776	1087,46	85,09	2,9	3,1490
7	8-19	1,0792	1538,12	60,24	2,7	3,1568
8	1-12	1,0814	950,63	82,56	2,9	3,1875
9	9-06	1,0846	1453,66	83,76	2,0	3,3381
10	9-17	1,0755	1140,34	81,22	2,9	3,3471
11	21-42	1,0788	1189,29	94,40	2,5	3,3683
12	18-55	1,0794	954,54	81,20	2,9	3,4123
13	14-20	1,0788	1735,91	91,95	2,0	3,4356
14	4-34	1,0764	1429,92	84,95	2,3	3,4421
15	14-04	1,08	1017,94	81,20	2,7	3,4678
16	18-19	1,0767	1336,17	75,18	2,5	3,4804
17	8-38	1,0675	1695,03	93,23	2,9	3,4856
18	1-21	1,085	897,51	72,11	2,8	3,4870
19	18-29	1,0721	1418,38	82,32	2,7	3,5392
20	4-21	1,0742	1229,93	85,20	2,7	3,5514
21	8-16	1,0737	1311,44	90,07	2,6	3,5699
22	19-23	1,0764	1144,50	92,36	2,6	3,5816
23	1-05	1,0837	848,55	75,13	2,8	3,6613
24	19-21	1,0778	1215,73	86,80	2,3	3,6955
25	1-16	1,0746	1044,38	67,04	3,5	3,7085
26	9-21	1,0776	989,88	87,06	2,7	3,7525
27	21-34	1,083	1067,88	89,44	2,2	3,7574
28	1-24	1,0762	887,47	89,91	3,0	3,7667
29	18-11	1,0744	1260,77	87,67	2,5	3,8082
30	19-26	1,0767	1201,53	92,06	2,3	3,8236

...Continua...

TABELA 10B cont.

31	14-37	1,0731	1450,24	88,63	2,3	3,8284
32	9-14	1,0691	1201,87	87,37	3,2	3,8497
33	14-28	1,0775	1178,44	85,41	2,3	3,8545
34	1-03	1,076	995,42	63,99	3,4	3,8635
35	1-20	1,0784	1030,18	90,18	2,5	3,8740
36	1-04	1,076	1003,50	88,55	2,7	3,8806
37	2-09	1,0857	785,39	70,06	2,8	3,9121
38	18-41	1,0819	960,66	92,76	2,3	3,9254
39	19-56	1,0705	1997,09	89,85	2,2	3,9690
40	14-10	1,0696	1564,55	91,89	2,5	3,9769
41	8-06	1,0749	1348,41	85,69	2,2	4,0336
42	14-17	1,073	1086,48	89,31	2,7	4,0586
43	18-10	1,0803	1036,30	78,04	2,3	4,0689
44	9-09	1,0779	1023,82	80,63	2,5	4,0944
45	8-26	1,0819	854,67	77,22	2,6	4,0958
46	14-14	1,0716	1372,64	81,28	2,5	4,1013
47	18-27	1,0705	1584,87	83,86	2,3	4,1040
48	19-54	1,0741	956,75	90,26	2,8	4,1106
49	1-11	1,0807	991,26	79,54	2,3	4,1277
50	21-37	1,0754	1058,58	79,67	2,6	4,1321

dmEuclidiana = distancia média euclidiana.

TABELA 11B Componentes de variância (REML individual) para a produção de tubérculos comercializáveis (PTC), porcentagem de tubérculos graúdos (PTG), aparência geral de tubérculo (AGT) e peso específico de tubérculos (PET) da avaliação da seleção entre e dentro. Lavras, MG, dezembro de 2008.

Componentes de variância (REML individual)				
	PET	PTC	PTG	AGT
Variância genotípica	0,44*	111495,81	127,69	0,24
Variância residual	0,32*	152191,68	112,54	0,31
Variância fenotípica ind.	0,76*	263687,49	240,22	0,55
h ² de parcela	0,58	0,42	0,53	0,43
h ² média de clone	+ - 0,09	+ - 0,08	+ - 0,09	+ - 0,08
h ² média de clone	0,81	0,69	0,77	0,69
Acurácia de seleção	0,9	0,83	0,88	0,83
CV genético (%)	0,62	32,44	13,74	21,37
CV residual (%)	0,52	37,91	12,90	24,63
CV relativo	1,19	0,86	1,06	0,88
PEV	0,09*	34866,37	28,99	0,07
SEP	29,18*	186,72	5,38	0,27
Média geral	1,0724	1029,15	82,21	2,3
Média 50 selecionados	1,0758	1200,50	86,71	2,5
Ganho esperado (%)	0,32	16,65	5,47	8,7

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo ausência de perda de parcelas, SEP: desvio padrão do valor genotípico redito, assumindo ausência de perda de parcelas.

* x10⁻⁴.