



MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, DO ABASTECIMENTO E DA REFORMA AGRÁRIA
Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA
Centro Nacional de Pesquisa de Florestas - CNPFlorestas

DOCUMENTOS Nº 24

ISSN 0101-7691

**PAGIS - UM SOFTWARE PARA ANÁLISE GENÉTICA E ÍNDICE DE
SELEÇÃO EM EXPERIMENTOS FLORESTAIS.**

Edilson Batista de Oliveira
Marcos Deon Vilela de Resende
Antonio Riroyei Higa
Gerson Rino Prantl Oiada

Colombo, PR
1994

Exemplares desta publicação podem ser solicitados à:

EMBRAPA-CNPFlorestas

Estrada da Ribeira, Km 111

Caixa Postal 319

83411-000 - Colombo - PR - Brasil

Telefone: (041) 359-1313

Telex: (41) 30120

Fax: (041) 359-2276

Tiragem: 1.000 exemplares

Oliveira, E.B.de.

PAGIS - Um software para análise genética e índice de seleção em experimentos florestais por Edilson Batista de Oliveira, Marcos Deon Vilela de Resende, Antonio Riroyei Higa e Gerson Rino Prantl Oaida. Colombo: EMBRAPA-CNPFF, 1994.

19 p. (EMBRAPA-CNPFF. Documentos, 24)

1. PAGIS. 2. Software. 3. Experimento florestal - software.

I. Resende, M.D.V.de. II. Higa, A.R. III. Oaida, R.P. IV. Título. V. Série.

COMITÊ DE PUBLICAÇÕES DO CNPFlorestas

1989/1991

Edson Tadeu Iede - **Presidente**

Membros

Rivail Salvador Lourenço

Honorino Roque Rodigheri

Luiz Roberto Graça

Carmem Lúcia Cassilha Stival

PRODUÇÃO

Setor de Difusão de Tecnologia - SDT

TRATAMENTO EDITORIAL E REVISÃO DE TEXTO

Antonio Maciel B. Machado

Guiomar Moreira de Souza Braguinha

COMPOSIÇÃO, DIAGRAMAÇÃO E IMPRESSÃO

Copygraf Reproduções Gráficas Ltda.

República Federativa do Brasil

Presidente: Itamar Franco

Ministério da Agricultura, do Abastecimento e da Reforma Agrária

Ministro: Synval Sebastião Duarte Guazzelli

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária-EMBRAPA

Presidente: Murilo Xavier Flores

Diretores:

José Roberto Rodrigues Peres

Alberto Duque Portugal

Elza Angela Battaglia Brito da Cunha

Centro Nacional de Pesquisa de Florestas - CNPFlorestas

Chefe: Vitor Afonso Hoeflich

Chefe Adjunto Técnico: Yeda Maria M. de Oliveira

Chefe Adjunto de Apoio: Sergio Gaiad

SUMÁRIO

	p.
Resumo/Abstract	07
1. Introdução	08
2. Entrada e crítica dos dados	08
3. Análise de variância	08
4. Estimativa dos parâmetros genéticos	12
5. Cálculo do índice de seleção	16
6. Referências bibliográficas	19

PAGIS - UM SOFTWARE PARA ANÁLISE GENÉTICA E ÍNDICE DE SELEÇÃO EM EXPERIMENTOS FLORESTAIS

Edilson Batista de Oliveira^{*}
Marcos Deon Vilela de Resende^{**}
Antonio Riroyei Higa^{***}
Gerson Rino Prantl Oaida^{****}

RESUMO

São apresentados aspectos do "software" PAGIS, desenvolvido pelo CNPFlorestas/EMBRAPA, utilizado na análise estatística, estimação de parâmetros genéticos e cálculo de índices de seleção para experimentos de melhoramento de espécie florestais. O "software" foi desenvolvido para microcomputador padrão IBM-PC com configuração mínima e permite a análise simultânea de até dez variáveis. Os índices de seleção (Smith-Hazel) podem ser obtidos sem restrições, para diferentes pesos econômicos das variáveis em função da sua importância e objetivo da seleção.

PALAVRAS-CHAVE: Seleção, informática, melhoramento genético.

PAGIS - A SOFTWARE FOR GENETIC ANALYSIS AND SELECTION INDEX FOR FOREST EXPERIMENTS.

ABSTRACT

Some aspects of PAGIS software which was developed at CNPF/EMBRAPA for statistical analysis, genetic parameter estimation and selection index calculations for tree improvement programs are presented. This software allows simultaneous analyses of up to ten variables in an IBM-PC micro computer. Selection indexes (Smith-Hazel) can be obtained without restrictions for variables with different economical weights, depending on their importance and selection purpose.

KEY-WORDS: Selection, informatics, genetic improvement.

^{*} Eng.-Agrônomo, M.Sc., CREA nº 1211/D, Pesquisador da EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas.

^{**} Eng.-Agrônomo, M.Sc., CREA nº 50602/D, Pesquisador da EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas.

^{***} Eng.-Agrônomo, Ph.D., CREA nº 58583/D, Pesquisador da EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas.

^{****} Programador da EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Florestas.

1. INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento genético e produção de sementes melhoradas de espécies exóticas seguem, quase sempre, as seguintes etapas: (a) introdução e seleção de espécies, (b) ensaio de procedência, (c) seleção dentro de população base (PINTO Jr. 1984). No Brasil, já estão implantadas centenas de experimentos de melhoramento de espécies florestais, principalmente com os gêneros *Eucalyptus* e *Pinus*. Esses ensaios são, na maioria dos casos, de espécies/procedência /progênie sendo avaliados a nível de árvore dentro de parcelas, em medições sucessivas, anuais ou bianuais, de diversas variáveis.

O grande volume de dados e a falta de um programa de computador específico, de fácil operação, tem dificultado as análises destes experimentos, principalmente a nível de empresas do setor florestal. Assim, o Centro Nacional de Pesquisa de Florestas - CNPF/EMBRAPA, desenvolveu o "software" PAGIS - Programa para Análise Genética e Índice de Seleção - que pode ser utilizado para análise estatística, estimação de parâmetros genéticos e cálculos de índices de seleção. Esses índices podem ser obtidos sem restrições para diferentes pesos econômicos atribuídos a cada variável em função de sua importância e objetivo de seleção.

O "software" foi desenvolvido

para microcomputadores padrão IBM-PC, com configuração mínima. Nesta primeira versão, podem ser analisados, simultaneamente, até 10 variáveis.

Neste trabalho, são apresentadas algumas características do programa, utilizando, como exemplo, um experimento de *E. viminalis* com 10 progênies de meios-irmãos, instalado em blocos ao acaso com 5 repetições. As variáveis analisadas foram altura da planta, DAP e densidade básica da madeira.

2. ENTRADA E CRÍTICA DOS DADOS

O PAGIS permite a leitura de arquivos externos e construção de arquivo próprio com entrada via teclado.

O programa fornece um relatório de médias e variâncias para cada parcela com opções de armazenar em arquivo ou imprimir. (Tabela 1). Isso permite a identificação de árvores discrepantes ou possíveis erros na digitação de dados.

Para o processamento das análises das variáveis deve ser teclado Sim (S) ou, caso contrário, Não (N).

3. ANÁLISE DE VARIÂNCIA

O modelo de análise de variância utilizado para o experimento em blocos ao acaso é:

$$Y_{ij} = \mu + p_i + b_j + e_{ij}$$

onde:

μ é a média geral

p_i é o efeito da progênie i , aleatório, $i = 1, 2, \dots, I$

b_j é o efeito do bloco j , aleatório, $j = 1, 2, \dots, J$

e_{ij} é o erro experimental associado a progênie i e ao bloco j , $e_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$

TABELA 1. Médias e variâncias de DAP, Altura e DBM, para cada progênie por bloco, fornecidos pelo PAGIS.

BLOCO

Progênie	Variável	Média ¹	Variância	Média ²	Variância
1	DAP	9,000	2,890	7,930	2,890
	ALT	10,030	2,120	9,570	1,420
	DBM	0,434	0,008	0,438	0,001
2	DAP	11,430	3,510	9,710	3,000
	ALT	10,100	5,320	10,800	2,010
	DBM	0,408	0,003	0,436	0,003

O esquema de análise de variância e covariância com os quadrados médios e produtos médios está apresentado na Tabela 2.

TABELA 2. Esquema de análise de variância e esperanças de quadrados médios e produtos médios.

F. de V.	G.L.	Qm	E(QM)	PM	E(PM)
Bloco	J-1	Q_1	$\sigma_e^2 + I\sigma_b^2$	P_1	$\text{Cov}_e + I\text{Cov}_b$
Progênie	I-1	Q_2	$\sigma_e^2 + J\sigma_p^2$	P_2	$\text{Cov}_e + J\text{Cov}_p$
Resíduo	(I-1)(J-1)	Q_3	σ_e^2	P_3	Cov_e
Total	IJ-1				

A variância entre plantas dentro de parcelas é calculada diretamente das variâncias de cada parcela e da média harmônica de número de plantas por parcela.

Na Tabela 3, estão apresentadas as análises de variância para cada variável analisada.

TABELA 3. Análise de variância de altura, DAP e DBM, referentes ao experimento de *E. viminalis*.

Análise de Variância para a Variável				ALT	
FG	GL	SQ	QM	F	P > F
Bloco	4	15.5378418	3.8844604	1.5302558	0.2132758
Proge	9	95.4785160	10.6087236	4.1792321	0.0011861
Resid	36	91.3837890	2.5384386	*****	*****
Total	49	202.4001460	*****	*****	*****

Análise de Variância para a Variável				DAP	
FG	GL	SQ	QM	F	P > F
Bloco	4	6.1054688	1.5263672	0.4987347	0.6848998
Proge	9	78.4621580	8.7180176	2.8485794	0.0121734
Resid	36	110.1772460	3.0604792	*****	*****
Total	49	194.7448730	*****	*****	*****

Análise de Variância para a Variável				DBM	
FG	GL	SQ	QM	F	P > F
Bloco	4	0.0002079	0.0000520	0.1224490	0.1837997
Proge	9	0.0081949	0.0009105	2.1451662	0.0504428
Resid	36	0.0152807	0.0004245	*****	*****
Total	49	0.0236835	*****	*****	*****

Na tabela 4 são apresentadas médias de blocos e progênes por ordem de entrada e ordem decrescente.

TABELA 4. Médias de blocos e progênes do experimento de *E. viminalis*.

Médias de blocos				
BL/VR	ALT	DAP	DBM	
1	7.7363634	6.8848491	0.3946667	
2	7.3121204	7.1393948	0.3953939	
3	7.0909090	7.0727277	0.3996061	
4	6.8606062	7.0575757	0.3981515	
5	6.2090907	6.2727275	0.3959091	
Médias de Progênes				
BL/VR	ALT	DAP	DBM	
1	8.9400005	8.0733328	0.4136667	
2	8.6999989	8.7466669	0.4184667	
3	6.4933333	6.5999999	0.4407333	
4	8.6066675	7.8466668	0.4429333	
5	8.6933336	8.2799997	0.4536666	
6	7.4199996	7.4866662	0.4345333	
7	5.3199997	4.9000001	0.4401333	
8	6.2666669	6.5066667	0.4500000	
9	7.0599999	7.6666665	0.4458667	
10	9.9600010	9.6333342	0.4242000	
Médias Ordenadas de Blocos				
ORD	ALT	ORD	DAP	DBM
1	7.736363	2	7.139395	0.399606
2	7.312120	3	7.072728	0.398152
3	7.090909	4	7.057576	0.395909
4	6.860606	1	6.884849	0.395394
5	6.209091	5	6.272728	0.394667
Médias Ordenadas de Progênes				
ORD	ALT	ORD	DAP	DBM
10	9.960001	10	9.633334	0.453667
1	8.940001	2	8.746667	0.450000
2	8.699999	5	8.280000	0.445876
5	8.693334	1	8.073333	0.442933
4	8.606668	4	7.846667	0.440733
6	7.420000	9	7.666667	0.440133
9	7.060000	6	7.486666	0.434533
3	6.493333	3	6.600000	0.424200
8	6.266667	8	6.506667	0.418467
7	5.320000	7	4.900000	0.413667

4. ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS GENÉTICOS

Os parâmetros genéticos são estimados a partir da análise descrita na Tabela 2, conforme BECKER (1975), onde:

- 1 = Variância entre plantas dentro parcelas:
 $V_d = \text{média das variâncias entre árvores dentro de cada parcela.}$
- 2 = Variância do erro a nível de parcelas:
 $V_e = Q_3 - \frac{V_d}{n}$
- 3 = Variância residual
 $V_r = Q_3$
- 4 = Variância genética entre progênies
 $V_p = \frac{Q_2 - Q_3}{J}$
- 5 = Variância entre blocos
 $V_b = \frac{Q_1 - Q_3}{I}$
- 6 = Variância genética aditiva
 $V_A = 4V_p$
- 7 = Herdabilidade a nível de indivíduos no experimento
 $HIE = \frac{4V_p}{V_p + V_b + V_e + V_d}$
- 8 = Herdabilidade a nível de indivíduos dentro do bloco
 $HIB = \frac{4V_p}{V_p + V_e + V_d}$
- 9 = Herdabilidade dentro de famílias
 $HDF = \frac{3V_p}{V_d}$
- 10 = Herdabilidade ao nível de médias de famílias
 $HF = \frac{V_p}{V_p + \frac{V_e}{J} + \frac{V_d}{n.J}}$

11 = Variância fenotípica ao nível de média de família

$$V_f = V_p + \frac{V_r}{J}$$

12 = Desvio padrão da variância entre progênes

$$s(V_p) = \frac{2}{J^2} \sqrt{\frac{Q_2^2}{(I-1)+2} + \frac{Q_3^2}{(J-1)(I-1)+2}}$$

13 = Desvio padrão da variância genética aditiva

$$s(V_A) = 4s(V_p)$$

14 = Desvio padrão da herdabilidade ao nível de médias de famílias

$$s(HF) = \sqrt{\frac{2}{(I-1)+2} + \frac{2}{(J-1)(I-1)}} \cdot (1 - HF)$$

As covariâncias são calculadas de forma análoga considerando que em vez de Quadrados médios (Q1, Q2 e Q3), são utilizados os Produtos médios (P1, P2 e P3).

Na Tabela 5, são apresentadas as saídas do PAGIS com as estimativas destes parâmetros, para a variável altura.

TABELA 5. Estimativa de parâmetros genéticos e desvios para a variável altura referente ao experimento analisado.

Parâmetros Genéticos	Altura
Especificação	Resultados
VARIÂNCIA	
01 - Entre plantas dentro de parcelas	5.6689320
02 - Do erro a nível de parcela	0.6487963
03 - Residual	2.5384386
04 - Genética entre progênies	1.6140569
05 - Entre blocos	0.1346022
06 - Genética aditiva	6.4562278
07 - Fenotípica ao nível de média de família	2.1217446
Herdabilidade	
08 - A nível de indivíduo no experimento	0.8003866
09 - A nível de indivíduo dentro de bloco	0.8139691
11 - Dentro de família	0.8541593
12 - Ao nível de médias de família	0.7607216
Desvio Padrão	
13 - Desvio padrão da variância entre progênies	0.9121814
14 - Desvio padrão da variância genética aditiva	3.6407255
15 - Desvio padrão da herdabilidade ao nível de médias	0.1158587

Covariância entre Progenies

Bloco	ALT	DAP	DBM
ALT	*****	1.3398368	- 0.0081907
DAP	*****	*****	- 0.0053037
DBM	*****	*****	*****

Covariância Residual

Bloco	ALT	DAP	DBM
ALT	*****	2.4279718	- 0.0088860
DAP	*****	*****	- 0.0130127
DBM	*****	*****	*****

Variância e Covariância Fenotípica (F) e Genética (G)

G F	ALT	DAP	DBM
ALT	2.1217446 1.6140569	1.825312	- 0.0099679
DAP	1.3398368	1.7436035 1.1315076	- 0.0079063
DBM			0.0001821
DBM	0.0081907	- 0.0053037	- 0.0000972

G, F - Referente à progenies e médias de progenies, respectivamente.

Coefficiente de Correlação Fenotípica (r_F)

Coefficiente de Determinação Fenotípica (r_F^2)

r^2_F r_F	ALT	DAP	DBM
ALT	*****	0.9490631	- 0.5070968
DAP	0.9007207	*****	- 0.4436919
DBM	0.2571475	0.1968625	*****

5. CÁLCULO DO ÍNDICE DE SELEÇÃO

O índice de seleção é calculado com base no método de SMITH (1936) e HAZEL (1943), onde o valor genético global de um indivíduo corresponde a somatória dos valores genéticos (H_i), associada a caracteres de importância econômica, ponderados por valores econômicos relativos (a_i), ou seja

$$H = \sum_{i=1}^n a_i \cdot H_i$$

Como o valor genético de cada indivíduo é de difícil mensuração, H não pode ser determinado e a seleção é baseada no valor fenotípico

$$I = \sum_{i=1}^n b_i \cdot X_i$$

onde I é o índice de seleção que corresponde à função linear dos valores fenotípicos dos vários caracteres e b_i , o coeficiente associado ao valor fenotípico X_i do carácter i . Os pesos b_i são determinados de forma que a correlação $r(H, I)$, seja máxima, através do seguinte sistema matricial:

$$b P = a G$$

onde G representa a matriz de variância e covariância genéticas para o carácter incluído no índice, P a matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas para os mesmos caracteres, a o vetor coluna dos pesos econômicos e b o vetor coluna dos coeficientes do índice.

No exemplo analisado, é utilizado o seguinte sistema de equações:

$$\begin{bmatrix} V_{F(x)} & Cov_{F(xy)} & Cov_{F(xz)} \\ Cov_{F(xy)} & V_{F(y)} & Cov_{F(yz)} \\ Cov_{F(xz)} & Cov_{F(yz)} & V_{F(z)} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V_{G(x)} & Cov_{G(xy)} & Cov_{G(xz)} \\ Cov_{G(xy)} & V_{G(y)} & Cov_{G(yz)} \\ Cov_{G(xz)} & Cov_{G(yz)} & V_{G(z)} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \end{bmatrix}$$

onde:

x é a altura da árvore

y é o diâmetro (DAP)

z é a densidade básica de madeira

b_1 , b_2 e b_3 são os coeficientes referentes a x , y e z

a_1 , a_2 e a_3 são os pesos econômicos.

Para os cálculos, o PAGIS apresenta na tela o nome das variáveis e o espaço para atribuição dos pesos econômicos. Na Tabela 6 são apresentados exemplos do cálculo dos índices para diferentes combinações de pesos econômicos e na Tabela 7 o ganho genético esperado ($G(S)$) com a

utilização destes índices.

Os "inputs" necessários e os relatórios de saída do PAGIS com cálculos do índice sem restrições são apresentados na Tabela 8.

As interpretações destes resultados são amplamente discutidas por RESENDE et al. (1990).

TABELA 6. Coeficiente dos índices (b) estimados em função de diferentes combinações de pesos econômicos (a).

Pesos econômicos:	ALT = 1	DAP = 1	DBM = 1
Índice:	$I = 1,7913.ALT -$	$0,4758.DAP -$	$1,4452.DBM$
Pesos econômicos:	ALT = 1	DAP = 1	DBM = 0
Índice:	$I = 1,7998.ALT -$	$0,4837.DAP -$	$1,8995.DBM$
Pesos econômicos:	ALT = 0	DAP = 0	DBM = 1
Índice:	$I = - 0,0086.ALT +$	$0,0078.DAP +$	$0,4543.DBM$

TABELA 7. Progresso genético esperado em função dos índices de seleção apresentados na Tabela 5.

Caracteres:	ALT = 1	DAP = 1	DBM = 1
G(S):	1,556	1,290	- 0,0084
Caracteres:	ALT = 1	DAP = 1	DBM = 0
G(S):	1,556	1,279	- 0,0084
Caracteres:	ALT = 0	DAP = 0	DBM = 1
G(S):	- 1,12	- 0,835	0,0122

TABELA 8. Coeficiente dos índices (b), estimados em função de diferentes combinações de pesos econômicos.

Pesos econômicos:	ALT = 1	DAP = 1	DBM = 1
Índice:	$I = 0,1154.ALT +$	$0,1681.DAP -$	$299,8083.DBM$
Pesos econômicos:	ALT = 1	DAP = 1	DBM = 0
Índice:	$I = 0,1110.ALT +$	$0,1616.DAP -$	$300,9106.DBM$
Progresso genético esperado - (G(S))			
Caracteres:	ALT = 1	DAP = 1	DBM = 1
G(S):	0,684	0,594	0,0
Caracteres:	ALT = 1	DAP = 1	DBM = 0
G(S):	0,683	0,594	0,0

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BECKER, W.A. **Manual of procedures in quantitative genetics**. Belmor, Washington State University, 1975. 170p.
- HAZEL, L.V. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v.28, p.476-490, 1943.
- PINTO JUNIOR, J.E. **Variabilidade genética em progênies de uma população de *Eucalyptus urophylla* St Blake da Ilha Flores - Indonésia**. Piracicaba, ESALQ/USP, 1980. 165p. Tese Mestrado.
- RESENDE, M.D.V.; OLIVEIRA, E.B.; HIGA, A.R. Utilização de índices de seleção no melhoramento do eucalipto. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Curitiba, v.21, p.1-13, 1990.
- SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Ann. Eugen.**, London, n.7, p.240-250, 1936.