



IPEF: FILOSOFIA DE TRABALHO DE UMA ELITE DE EMPRESAS FLORESTAIS BRASILEIRAS

ISSN 0100-3453

CIRCULAR TÉCNICA Nº 153

Dezembro/1987

PROGRAMA DE COMPUTADOR PARA A ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS

João Iijima*
Carlos Henrique Garcia*
Paulo Yoshio Kageyama**

1. CONSIDERAÇÕES GERAIS

Para o melhoramento genético de qualquer espécie vegetal é essencial que exista variação de natureza genética na população a ser empregada. Assim o conhecimento da magnitude das variâncias genéticas e não genéticas é fator fundamental para a definição da melhor estratégia para utilização de qualquer material genético.

Segundo Vencovsky, citado por KAGEYAMA (1980) as finalidades da estimativa dos parâmetros genéticos podem ser divididas nos seguintes itens:

- a) proporcionar informações sobre a ação dos genes responsáveis pela herança das características estudadas;
- b) proporcionar as bases para a avaliação dos programas de melhoramento da população e a informação para o desenvolvimento de novos enfoques nos programas; e
- c) estimar o progresso esperado na seleção.

Resultados sobre parâmetros genéticos para espécies florestais no Brasil são realmente escassos na literatura, sendo ainda que a maioria dos trabalhos publicados nesta área se restringem a um número limitado de espécies como o **E. grandis**, **e. saligna** e

* Alunos do Curso de Graduação em Engenharia Florestal – ESALQ/USP.

** Prof. Adjunto – Depto. de Ciências Florestais – ESALQ/USP.

o **E. urophylla**. Como valores referenciais dos parâmetros genéticos para espécies do gênero **Eucalyptus** podem ser empregados trabalhos como KAGEYAMA(1980), KAGEYAMA (1983), MORAES (1987), PATIÑO-VALERA (1986), PINTO JR. (1984), ASSIS et alii (1982a) e ASSIS et alii 1982b).

Dentre as principais dificuldades para estimação de parâmetros genéticos está a grande quantidade de informações que geralmente esta atividade envolve, tornando, muitas vezes, impraticável os cálculos destes parâmetros sem a utilização de um computador.

A relevância deste fato é a justificativa principal deste trabalho, que tem por objetivo a divulgação de um programa para computadores para estimação de parâmetros genéticos de compressão e utilização simples, e que pode ser empregado por qualquer profissional envolvido no setor de melhoramento genético florestal com conhecimentos mínimos sobre computadores.

2. ANÁLISE ESTATÍSTICA EXECUTADA PELO PROGRAMA

Este programa estima os parâmetros genéticos para testes de progênies ou procedências/progênies instalados em Blocos ao Acaso, considerando o modelo matemático como sendo aleatório.

A estrutura da análise de variância utilizada para comparar as progênies é a seguinte:

F.V.	G.L.	Q.M.	E(QM)	F
Blocos	B-1	Q ₁		
Progênies	P-1	Q ₂	$\sigma^2 d/p\ell + \sigma^2 e + B\sigma^2 p\ell$	Q ₂ /Q ₃
Erro	(B-1)*(P-1)	Q ₃	$\sigma^2 d/p\ell + \sigma^2 e$	
Dentro			$\sigma^2 d$	

Q.M. = quadrado médio;

E(Q.M.) = esperança do quadrado médio;

B = número de blocos ou repetições;

P = número de plantas por parcela;

pℓ = número de plantas por parcela;

$\sigma^2 p$ = variância devido a progênies;

$\sigma^2 e$ = variância entre parcelas;

$\sigma^2 d$ = variância devido a plantas dentro de parcelas.

3. UTILIZAÇÃO DO PROGRAMA

Para execução das estimativas dos parâmetros genéticos pelo programa é necessária a entrada com os dados de média e sua respectiva variância, de todas as progênies em todos os blocos, que devem ser previamente tabelados como ilustra a Figura 1.

Figura 1 – Tabela de médias e variâncias para entrada de dados no programa.

BLOCOS PROG	1	2	J
1	1.1	1.2...	... 1.J
2	2.1	2.2...	... 2.J
3	3.1	3.2...	... 3.J
.			
.			
.			
I	I.1	I.2...	... I.J

Uma vez acionado o sistema para leitura de programas em BASIC* (“MBASIC” para computadores APPLE e “BASICA” para os PCs) e o programa propriamente dito, a sequência de passos a ser seguidos via ser a seguinte:

- a) “NOME DO ENSAIO?”
- Neste passo o programa pede o nome que deverá ser imprimido no cabeçalho dos resultados para identificação dos mesmos.
- b) “NÚMERO DE PROGÊNIES ?”
- Neste passo deverá ser digitado o número total de progênies que serão empregadas.
- c) “NÚMERO DE BLOCOS?”
- Digitar o número de blocos do experimento.
- d) “NÚMERO DE PLANTAS POR PARCELA?”
- Digitar o número de plantas em cada parcela.
- e) “MÉDIA (1,1) = ?”
- Neste passo se inicia a digitação das médias. Entre parênteses aparece o número da progênie e bloco a que se refere a média. No caso, digitar o valor da média da progênie 1 do bloco 1.
- f) “VARIÂNCIA (1,1) = ?”
- Digitar a variância referente a média digitada anteriormente. No caso a variância de progênie 1 do bloco 1.
- g) “DESEJA CORREÇÃO? (S/N)”
- Este passo aparece após digitadas todas as médias e variâncias.
- Se não houver nenhum erro aperte o “ENTER” e o computador analisará os dados e apresentará os resultados.

* Para utilização do programa em computadores “APPLE” todos os comandos CLS (linha 10, 40, 900, 940, 1240 e 1380) devem ser substituídos por HOME

- Caso haja algum valor errado digite “S”.
- h) “DIGITE NÚMERO DA PROGÊNIE A SER CORRIGIDA?”
 - Digitar o número de progênie que foi digitada incorretamente.
- i) “DIGITE NÚMERO DO BLOCO?”
 - Digitar o número do bloco em que se encontre o valor da progênie digitada incorretamente.
- j) “PARA MÉDIA OU VARIÂNCIA (M/V)?”
 - Digitar “n” caso o erro da digitação tenha sido para média e “V” para a variância.
- l) “DIGITE O VALOR CORRETO”
 - Digitar o valor a ser utilizado no lugar digitado incorretamente.
- m) “DESEJA OUTRA CORREÇÃO (S/N)?”
 - Caso haja necessidade de outra correção digitar “S” para o programa voltar para o passo “h”
 - Caso contrário o programa iniciará as análises e terminará apresentando os resultados no monitor ou impressora.

4. O PROGRAMA

```

10 CLS
20*****VARIÁVEIS*****
30   T = NUMERO DE PROGENIES
40   R = NÚMERO DE BLOCOS
50   AH = NUMERO DE PLANTAS POR PARCELA
60   Y = MEDIA DA CARACTERISTICA AVALIADA
70   H = VARIANCIA DA CARACTERISTICA AVALIADA
80   Ss, SSs, Ls = VARIÁVEIS DE ESPERA
90   N = NUM. DE PROG. X NUM. DE BLOCOS
100  P = SOMATORIO DAS VARIANCIAS
110  A = SOMATORIO DAS MEDIA
120  Z(J) = SOMATORIO DAS MEDIAS DO BLOCO J
130  U(I) = SOMATORIO DAS MEDIAS DA PROGENIE
140  MD = MEDIA DAS MEDIAS DAS CARACTERISTICAS
150  MH – MEDIA DAS VARIANCIAS DAS CARACTERISTICAS
160  M(I) = MEDIA DAS MEDIAS DA PROGENIE I
170  E = GL DAS PROGENIES
180  G = GL TOTAL
190  W = GL DO ERRO
200  O = GL DOS BLOCOS
210  X = COEF. DE VARIAÇÃO EXPERIMENTAL
220  AB = VARIAÇÃO ENTRE PARCELAS
230  AC = VARIANCIA DEVIDO AS PROGENIES
240  AD = VARIANCIA FENOTIPICA
250  AE = HERDABILIDADE
260  AF = COEF. DE VARIAÇÃO DE PLANTAS DENTRO DE PARCELAS
270  AG = COEF. DE VARIAÇÃO ENTRE PARCELAS
280  AI = COEF. DE VARIAÇÃO GENÉTICO
290  AJ = COEF. DE VARIAÇÃO FENOTIPICO
295*****
300  PROGRAMAS PARA EXECUÇÃO DE ANALISE DA VARIANCIA

```

ESTIMATIVA DE PARAMETROS GENETICOS

```

305*****
310 REM NOME DO PROGRAMA: ANALISE DE VARIANCIA PARA ESTUDOS GENETICOS
320 REM ELABORADO EM 8 DE OUTUBRO DE 1987
325*****ENTRADA DE DADOS*****
330 PRINT :PRINT
340 INPUT "NOME DO ENSAIO"; H$
350 PRINT
360 INPUT "NUMERO DE PROGENIES"; T
370 PRINT
380 INPUT "NUMERO DE BLOCOS"; R
390 PRINT
400 INPUT "NUMERO DE PLANTAS POR PARCELA"; AH
410 CLS: DO = T
420 DIM Z(R): DIM U(T)
430 DIM Y(T,R): DIM M(T): DIM h(T,R)
440 FOR I = 1 TO R
460 PRINT
470 PRINT "MEDIA(“; I; “; “;J;”) = “;:INPUT Y(I,J)
480 PRINT "VARIANCIA(“;I; “;”J;”) = “;: INPUT H(I,J)
490 NEXT J: NEXT I
500 PRINT
510 INPUT "DESEJA CORRECAO [S/N]"; S$
520 IF S$ = "S" THEN GOSUB 1180
525***CALCULOS: MEDIAS, SOMA DE QUADRADOS E QUADRADOS MEDIOS**
530 N=R*DD
540 A = 0:B = 0:K = 0:D = 0:P = 0
550 FOR I = 1 TO T
560 FOR J = 1 TO R
570 P=P+H(I,J)
580 A = A+Y(I,J): B = B+Y(I,J)^2
590 NEXT J: NEST I
600 MD = A/N
610 MH = P/N
620 FOR J = 1 TO R
630 Z(J) = 0
640 FOR I = 1 TO T
650 Z(J)=Z(J)+Y(I,J): NEXT I
660 K=K+Z(J)^2: NEXT J
670 FOR I = 1 TO T
680 U(I) = 0
690 FOR J = 1 TO R
700 U(I)=U(I)+Y(I,J)
710 NEXT J: D=D+U(I)^2: M(I)=U(I)/R: NEXT I
720 C=A^2/N:SQT1=B-C:SQTR1=D/R-C:SQB1=K/T-C
730 SQR1=SQT1-SQTR1-SQB1: QMTR1=SQTR1/(T-1): QMB1=SQB1/(R-1): QMT1=SQT1/(N-1)
740 QMR1=SQR1/((T-1)*(R-1))
750 F=QMTR1/QMR1
760 E=T-1: G=N-1: W=(T-1)*(R-1):O=R-1
770 X=SQR(QMR1)/MD
780 AB=QMTR1-(MH/AH)
790 AC=(QMTR1-QMR1)/R: AD=MH+AB+AC
800 AE=((4*AC)/AD)*100
810 AF=SQR(MH)/MD*100
820 IF AB<0 THEN AB=0
830 AG=SQR(AB)/MD*100
840 AI=SQR(AC)/MD*100
850 AJ=SQR(AD)/MD*100
860 CLS

```

```

870rr$="=====
880 IF L$ = "I" THEN GOTO 1350
885*****RESULTADO*****
890 CLS
900 PRINT "TITULO:";H$
910 PRINT RR$
920 PRINT "F. DE VARIAÇÃO", "G.L.", "SQ", "QM"
930 PRINT "BLOCOS",O,SQB1,QMB1
940 PRINT "PROGENIES",E,SQTR1,QMTR1
950 PRINT "RESIDUO",W,SQR1,QMR1
960 PRINT RR$
970 PRINT "TOTAL",G,SQT1,QMT1
980 PRINT:PRINT
990 INPUT "DIGITE [ENTER] PARA PROSSEGUIR",S$
1000 PRINT
1010 PRINT
1020 PRINT "O VALOR DO TESTE F=";F
1030 PRINT
1040 PRINT "MEDIA GERAL=";MD
1050 PRINT "COEFICIENTE DE VARIAÇÃO EXPERIMENTAL=";X
1060 PRINT:PRINT
1070 PRINT "VARIANCIA DENTRO=";MH
1080 PRINT "VARIANCIA AMBIENTAL=";AB
1090 PRINT "VARIANCIA ENTRE PROGENIES=";AC
1100 PRINT "VARIANCIA FENOTIPICA=";AD
1110 PRINT "HERDABILIDADE (%)"=;AE
1120 PRINT "CVd(%)"=;AF
1130 PRINT "CVe(%)"=;AG
1140 PRINT "CVg(%)"=;AI
1150 PRINT "CVF(%)"=;AJ
1160 PRINT
1170 END
1180 REM **** SUBROTINA PARA CORREÇÃO DE VALORES ****
1190 CLS:PRINT
1200 INPUT "DIGITE NUMERO DA PROGENIE A SER CORRIGIDA",K
1210 INPUT "DIGITE NÚMERO DO BLOCO",E
1220 IF K>T OR E>R THEN PRINT "PARAMETROS ERRADOS":GOTO 1200
1230 PRINT
1240 INPUT "CORRECAO DE MEDIA OU VARIANCIA [M/V]";R$
1250 IF R$ <> "M" AND R$ <> "V" THEN 1240
1260 PRINT
1270 INPUT "DIGITE O VALOR CORRETO",V
1280 IF R$ = "M" THEN Y(K,E) = V
1290 IF R$ = "V" THEN H(K,E) = V
1300 PRINT
1310 INPUT "DESEJA OUTRA CORREÇÃO (S/N)";SS$
1320 IF SS$ <> "N" THEN GOTO 1200
1330 CLS
1340 RETURN
1350 REM **** SUBROTINA PARA LISTAGEM EM IMPRESSORA ****
1360 LPRINT "    TITULO:";HS
1370 LPRINT RR$
1380 LPRINT "F. DE VARIAÇÃO", "G.L.", "SQ", "QM"
1390 LPRINT RR$
1400 LPRINT "BLOCOS",O,SQB1,QMB1
1410 LPRINT "TRATAMENTOS",E,SQTR1,QMTR1
1420 LPRINT "RESIDUO",W,SQR1,QMR1
1430 LPRINT RR$
1440 LPRINT "TOTAL",G,SQT1,QMT1

```

```
1450 LPRINT
1460 LPRINT "O VALOR DO TESTE F=";F
1470 LPRINT "MEDIA GERAL=";MD
1480 LPRINT "COEFICIENTE DE VARIACAO EXPERIMENTAL= ;X
1490 LPRINT
1500 LPRINT "VARIANCIA DENTRO=";MH
1510 LPRINT "VARIANCIA AMBIENTAL=";AB
1520 LPRINT "VARIANCIA ENTRE PROGENIES=";AC
1530 LPRINT "VARIANCIA FENOTIPICA=";AD
1540 LPRINT
1550 LPRINT "HERDABILIDADE (%)"=;AE
1560 LPRINT
1570 LPRINT "CVd(%)"=;AF
1580 LPRINT "CVe(%)"=;AG
1590 LPRINT "CVg(%)"=;AI
1600 LPRINT "CVf(%)"=;AJ
1610 END
```

5. EXEMPLO

Para melhor compreensão a seguir é apresentado um exemplo:

Quadro 1: Médias e variâncias de progênie meios-irmãos de **E. grandis** aos 3 anos de idade na região de Mogi-Guaçu.

Progênie	Bloco 1		Bloco 2		Bloco 3	
	Media	Variância	Media	Variância	Media	Variância
1	10.61	9.7986	12.10	7.3778	10.94	10.3403
2	15.50	1.8333	16.00	2.0000	14.55	3.4695
3	17.06	1.2155	14.20	1.4002	11.10	4.7666
4	11.50	14.7222	11.85	3.2804	13.39	3.9861
5	13.30	6.0111	12.06	9.2455	11.06	9.6527
6	14.50	13.5556	15.06	0.5312	14.21	3.4047
7	12.56	22.0314	13.50	2.8333	10.95	9.0251
8	14.06	3.5312	14.94	0.4029	13.45	2.9139
9	11.61	15.5487	11.50	11.6874	13.94	11.3402
10	12.19	9.8527	8.69	19.1384	11.56	6.3169
11	14.78	5.0694	13.55	2.6917	14.95	4.1364
12	12.88	2.0536	14.44	2.2455	14.61	1.2986
13	17.06	1.2155	14.20	1.4002	11.10	4.7666
14	11.20	14.5100	14.75	1.9027	12.95	6.7473
15	16.44	2.1027	13.61	4.0486	12.57	14.0357

TÍTULO: EXEMPLO PRÁTICO DA UTILIZAÇÃO DO PROGRAMA

F. DE VARIAÇÃO	G.L.	SQ	QM
BLOCOS	2	6.665528	3.332764
TRATAMENTOS	14	76.16309	5.440221
RESÍDUO	28	68.61573	2.450562
TOTAL	44	51.4443	3.441917

O valor do teste F = 2.219989

Média geral = 13.26733

Coefficiente de variação experimental = .1179911

Variância dentro = 6.431954

Variância ambiental = 1.807366

Variância entre progênie = .9965529

Variância fenotípica = 9.235872

Herdabilidade (%) = 43.16011

CVd(%) = 19.11559

CVe(%) = 10.13303

CVg(%) = 7.524308

CVf(%) = 22.90632

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASSIS, T.F. et alii.. Teste de progênie de **Eucalyptus cloeziana** F. Muel. **Silvicultura**, São Paulo, 8(28): 158-9, 1982a.

ASSIS, T.F. et alii.. Teste de progênie de **Eucalyptus paniculata** SM. **Silvicultura**, São Paulo, 8(28): 160-1, 1982b.

- KAGEYAMA, P.Y.. Seleção precoce a diferentes idades em progênies de **Eucalyptus grandis** (Hill) Maiden. Piracicaba, 1983. 147p. (Tese-Livre-Docência-ESALQ).
- KAGEYAMA, P.Y.. Variação genética em uma população de **Eucalyptus grandis** (Hill) Maiden. Piracicaba, 1980, 125p. (Tese-Doutoramento-ESALQ).
- MORAES, M.L.T. de.. Variação genética da densidade básica da madeira em progênies de **Eucalyptus grandis** e suas relações com as características de crescimento. Piracicaba, 1987. 129p. (Tese-Mestrado-ESALQ).
- PATIÑO-VALERA, F.. Variação genética em progênies de **Eucalyptus saligna** Smith e sua interação com o espaçamento. Piracicaba, 1986. 211p. (Tese-Mestrado-ESALQ).
- PINTO JR., J.E.. Variabilidade genética em progênies de uma população de **Eucalyptus utophylla** S.T. Blake da Ilha de Flores – Indonésia. Piracicaba, 1984. 166p. (Tese-Mestrado-ESALQ).

CIRCULAR TÉCNICA

Esta publicação é editada pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais em convênio com a Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Departamento de Ciências Florestais

Comissão Editorial: Marialice Metzker Poggiani
Admir Lopes Mora
Walter de Paula Lima

Diretor Científico: Luiz Ernesto George Barrichelo

Chefe do Depto. de Ciências Florestais: Mario Ferreira

Endereço: IPEF – Central Técnica de Informações
Caixa Postal, 9
Fone: (0194) 33-2080
13.400 – Piracicaba (SP) - Brasil

É proibida a reprodução total ou parcial desta publicação sem a prévia autorização da
Comissão Editorial.