

## COMPARAÇÃO ENTRE SELEÇÃO COMBINADA E SELEÇÃO DIRETA EM *Eucalyptus grandis*, SOB DIFERENTES INTENSIDADES DE SELEÇÃO

Ildeu Soares Martins<sup>1</sup>  
Rosana de Carvalho Cristo Martins<sup>2</sup>  
Helaine de Souza Correia<sup>3</sup>

### RESUMO

Utilizando-se de um experimento, envolvendo famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*, conduzido pela Celulose Nipo Brasileira S.A. (CENIBRA), onde foram anotados dados de circunferência à altura do peito (CAP) e altura de plantas (ALT), foram comparadas as metodologias de seleção entre e dentro com a seleção combinada, sob diferentes intensidades de seleção. O processo de seleção combinada mostrou-se superior ao de seleção entre e dentro devido às maiores estimativas de ganhos genéticos esperados e, também, pelo fato de selecionar um número maior de famílias para recombinação.

**Palavras-chaves:** *Eucalyptus grandis*, seleção combinada, melhoramento genético

### ABSTRACT

#### COMPARISON BETWEEN COMBINED SELECTION AND DIRECT SELECTION OF *Eucalyptus grandis* UNDER DIFFERENT SELECTION INTENSITIES

The method of within-between selection was compared with the method of combined selection, using different intensities of selection for *Eucalyptus grandis*. This was done utilizing an experiment involving families of half-sibs of *E. grandis* conducted by Celulose Nipo Brasileira S. A. (CENIBRA), in which data on circumference at breast height and plant height have been recorded. The method combined selection was found to be superior to within-between selection due to the larger estimates of expected genetic gain and due to the larger number of families selected for recombination.

**Key words:** *Eucalyptus grandis*, combined selection, forest trees improvement

### INTRODUÇÃO

O gênero *Eucalyptus* é amplamente plantado no território nacional, este fato se deve a sua importância como espécie botânica de grande diversidade e boa adaptabilidade a vários tipos de ambiente. Dessa

forma, são crescentes os esforços empreendidos no sentido de estabelecer florestas de usos múltiplos voltados principalmente, para atender a demanda de madeira no mercado nacional e internacional utilizada para energia, celulose, serraria e outros fins, em substituição as madeiras

---

<sup>1, 2 e 3</sup> EFL, FT, Universidade de Brasília

nativas.

Este gênero foi introduzido no país em 1868 no Rio Grande do Sul, sendo que o primeiro plantio em larga escala efetuou-se em 1903, por Navarro de Andrade a serviço da Companhia Paulista de Estradas de Ferro. O Brasil começou a se destacar como grande plantador mundial a partir de 1910. Em 1966 a área plantada constava de cerca de 600 a 700 mil hectares, sendo implementado programas de incentivos fiscais, que foram responsáveis por aumentar a área plantada em cinco milhões de hectares até o ano de 1992 (LIMA, 1993).

O Brasil é o maior plantador mundial de eucaliptos, principalmente de *Eucalyptus grandis*, espécie que se destaca por suas potencialidades e diversidades de uso, entre outros fatores (MARTINS, 1999).

O aumento da produção das florestas não depende somente de técnicas de manejo, uma vez que as mesmas são a resultante da interação entre os genótipos que as constituem e do ambiente ao qual estão alocadas. Complementando as técnicas de manejo torna-se necessária a aplicação do melhoramento genético, que vai tornar os povoamentos mais produtivos e aumentará a adaptabilidade não só ao tipo de utilização mas também ao tipo de uso final.

No melhoramento, uma prática importante é a seleção de fenótipos superiores, indivíduos ou famílias, que torna viável o melhoramento, uma vez que para obter-se populações melhoradas é necessário que a seleção e a recombinação sejam feitas em nível de indivíduos e famílias.

No sentido de realizar-se a prática da seleção, torna-se necessário escolher os métodos de seleção, sua escolha dependerá das magnitudes e dos sentidos dos ganhos genéticos preditos e da facilidade de aplicação.

Neste contexto, a seleção entre e dentro e a seleção combinada surgem como opções. A seleção entre e dentro considera apenas um caráter e é simples de ser aplicada. A seleção combinada é uma opção alternativa à seleção entre e dentro, este tipo de seleção é mais apurada em informações pois,

considera o desempenho individual associado ao desempenho da família em um único estádio. Consta, portanto, de resultados mais satisfatórios que a seleção entre e dentro.

Este trabalho tem como objetivo a análise comparativa dos ganhos genéticos, utilizando-se a seleção entre e dentro e a seleção combinada para *Eucalyptus grandis*, considerando duas intensidades de seleção.

## MATERIAL E MÉTODOS

### Caracterização do experimento

Os dados pertencem a um experimento implantado pela Celulose Nipo Brasileira S.A. (CENIBRA), em Governador Valadares-MG, envolvendo 248 famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*. Foi utilizado o modelo estatístico de blocos completos casualizados, com informações dentro das parcelas, com quatro repetições e parcelas lineares de seis plantas, no espaçamento 3x2m. Os caracteres avaliados foram a circunferência à altura do peito (CAP) e altura das plantas (ALT), aos 46 meses de idade..

### Análise de variância

Foram efetuadas as análises de variância para os caracteres altura de plantas e circunferência à altura do peito, utilizando-se o seguinte modelo estatístico; baseado em VENCOVSKY & BARRIGA (1992).

$$Y_{ijk} = m + p_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk}$$

em que

i = 1, 2, ..., I progênies de meios-irmãos;

j = 1, 2, ..., J repetições (blocos); e

k = 1, 2, ..., K plantas por parcela.

$Y_{ijk}$  = observação referente ao indivíduo k, da família i, na repetição j;

$m$  = média geral;  
 $p_i$  = efeito da progênie  $i$ , em que  $p_i \sim \text{NID}(0, s_g^2)$ ;  
 $b_j$  = efeito da repetição  $j$ , em que  $b_j \sim \text{NID}(0, s_b^2)$ ;  
 $e_{ij}$  = erro aleatório em nível de média de parcelas, em que  $e_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$ ;

$d_{ijk}$  = efeito da variação dentro de parcelas, em que  $d_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma_d^2)$ ;

O esquema da análise de variância, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios, é apresentado na tabela 1:

**Tabela 1.** Esquema da análise de variância, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios, dos caracteres circunferência à altura do peito (CAP) e altura de plantas (ALT).

FV	GL	QM
Blocos	J - 1	Q1
Progênies	I - 1	Q2
Entre parcelas	(I - 1)(J - 1)	Q3
Dentro de parcelas	IJ (K - 1)	Q4

QM = quadrado médio; E(QM) = esperança matemática dos quadrados médios;  $\sigma_d^2$  = componente de variância devido a variação dentro de parcelas;  $\sigma_e^2$  = componente de variância devido ao erro entre parcelas;  $\sigma_b^2$  = componente de variância devido ao efeito de blocos e  $\sigma_g^2$  = componente de variância genética.

### Ganhos por seleção direta e indireta

Foram estimados os ganhos por seleções direta e indireta entre as famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis* para os caracteres avaliados, considerando-se a seleção de 20% e 25% das melhores famílias.

Para estimar os ganhos por seleção direta e indireta foi utilizada a seguinte expressão, apresentada por VENCOVSKY REGAZZI,

(1994):  $\Delta G = \frac{DS h^2}{\bar{X}} \cdot 100$ , em que DG% é o ganho de seleção expresso em porcentagem da média.  $\Delta G\%$  é o diferencial de seleção, isto é, a diferença entre a média original e a média selecionada,  $h^2$  é o coeficiente de herdabilidade, e  $\bar{X}$  é a média original.

### Ganhos por seleção entre e dentro

Foram estimados os ganhos de seleção dentro de famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis* para os caracteres ALT e CAP, segundo a expressão  $\Delta G_d = DS_d \times h_d^2$ , em que  $\Delta G_d$  é o ganho por seleção dentro de famílias;  $DS_d$  é o diferencial de seleção dentro de famílias; e  $h_d^2$  é o coeficiente de herdabilidade dentro de famílias.

Os ganhos por seleção entre e dentro foram obtidos através da seguinte expressão  $\Delta G_{ed} = \Delta G_e + \Delta G_d$ , em que  $\Delta G_{ed}$  é o ganho por seleções entre e dentro;  $\Delta G_e$  é o ganho por seleção direta entre famílias, que é obtido pela mesma forma apresentada para o ganho genético no item anterior e  $\Delta G_d$  é o ganho por seleção dentro das famílias de meios-

irmãos. O ganho por seleção entre e dentro, expresso em porcentagem da média original é dado

$$\text{por } \Delta G_{ed} \% = \frac{\Delta G_{ed} \cdot x100}{\bar{X}}$$

### Seleção Combinada

A seleção combinada consiste no estabelecimento de um índice para cada indivíduo, para determinado caractere, cujos pesos que compõem esse índice foram obtidos do próprio indivíduo e de seus parentes.

Para estabelecimento dos ganhos por seleção combinada, foi utilizado o índice proposto por PIRES (1996), descrito da seguinte forma:

$$I_{ijk} = c_1(Y_{ijk} - \bar{Y}_{.j}) + c_2(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})$$

Em que  $I_{ijk}$  é o índice estimador do valor genético da k-ésima planta, da i-ésima família, na j-ésima repetição;  $Y_{ijk}$  é o valor fenotípico do indivíduo  $ijk$ ;  $\bar{Y}_{.j}$  é a média da repetição  $j$ ;  $\bar{Y}_{i..}$  é a média geral da população, e  $c_1$  e  $c_2$  são os coeficientes que foram obtidos pela maximização entre o índice e o agregado genotípico, conforme a teoria dos índices de seleção.

Assim, o ganho por seleção combinada poderá ser obtido pela seguinte expressão (PIRES,1996):

$$GS_i = \frac{COV(I_{ijk}, H_{ijk})}{V(I_{ijk})} . DS_i = DS_i = i \hat{\sigma}_i$$

Em que  $GS_i$  é o ganho por seleção combinada na característica  $i$ ,  $H_{ijk}$  é o agregado genotípico,  $i$  é a intensidade de seleção e  $\hat{\sigma}_i$  é o desvio-padrão do índice.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

### Análise de Variância

Na tabela 2 são apresentados os resultados das análises de variância e estimativas dos parâmetros genéticos referentes às progênes de *Eucalyptus grandis*, para os caracteres avaliados.

A análise de variância revelou a existência de diferenças significativas entre famílias, para os dois caracteres, em nível de 1% de probabilidade. Portanto, pode-se inferir que existe variabilidade genética entre as famílias, para os caracteres, o que demonstra a possibilidades de obtenção de ganhos genéticos pela aplicação de seleção nesta população.

**Tabela 2.** Resumo dos resultados da análise de variância referentes às características circunferência à altura do peito (CAP) e altura de plantas (ALT)

FV	GL	QM
		CAP
Blocos	3	3873,7647
Progênes	247	1391,4154*
Entre parcelas	741	427,4657
Dentro de parcelas	4960	421,1736
Médias		17,4903
CV%		5,8550

\* Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F; CV% = coeficiente de variação experimental

Os coeficientes de variação experimentais para DAP e ALT podem ser considerados médios conforme os padrões normalmente encontrados para *Eucalyptus* (GARCIA, 1989).

As médias dos caracteres (tabela 1) estão dentro dos padrões normais para *Eucalyptus grandis*, para as características DAP e ALT, comparando-se com aquelas encontradas por vários

outros autores (KAGEYAMA, 1980 E 1983; SCÁRDUA, 1991; XAVIER, 1993; PIRES, 1996; PAULA, 1997; MARTINS, 1999).

### Estimativas de herdabilidade

Neste trabalho consideram-se as estimativas de herdabilidade com base nas médias de famílias,

**Tabela 2.** Resumo dos resultados da análise de variância referentes às características circunferência à altura do peito (CAP) e altura de plantas (ALT)

FV	GL	QM
		CAP
Blocos	3	3873,7647
Progênesis	247	1391,4154*
Entre parcelas	741	427,4657
Dentro de parcelas	4960	421,1736
Médias		17,4903
CV%		5,8550

\* Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F; CV% = coeficiente de variação experimental

**Tabela 3.** Estimativas de herdabilidade e coeficientes de variação, em vários níveis para os caracteres avaliados.

Herdabilidades	CAP
$h_m^2$	0,6928
$h_d^2$	0,2861
$h_b^2$	0,3474
$h_e^2$	0,3457
CV <sub>ge</sub>	36,2346
CV <sub>gd</sub>	62,7603
CV <sub>ge</sub> /CV <sub>xp</sub>	6,19
CV <sub>gd</sub> /CV <sub>exp</sub>	10,70

CV<sub>exp</sub>, CV<sub>ge</sub> e CV<sub>gd</sub>=coeficiente de variação experimental, coeficiente de variação genética entre famílias e coeficiente de variação genética dentro de famílias;  $h_m^2$ ,  $h_d^2$ ,  $h_b^2$ ,  $h_e^2$  =coeficientes de herdabilidade em nível de médias de famílias, em nível de indivíduos dentro de famílias, em nível de indivíduos dentro de blocos e em nível de indivíduos no experimento, respectivamente.

estimativas com base nos indivíduos dentro dos blocos e com base nos indivíduos nos experimentos, para os caracteres estudados. Os resultados são apresentados na tabela 3.

As estimativas de herdabilidade para os caracteres CAP e ALT ficaram dentro dos padrões normais, quando comparados com os resultados encontrados por outros autores que trabalharam com espécies do gênero *Eucalyptus* (KAGEYAMA, 1980 E 1983; SCÁRDUA, 1991; XAVIER, 1993; PIRES, 1996; PAULA, 1997), o que evidencia também a possibilidade de ganhos genéticos nos caracteres com a adoção de critérios de seleção mais simples, como a seleção fenotípica direta.

As estimativas de herdabilidade com base em indivíduos no experimento e em indivíduos no bloco apresentam valores muito próximos, indicando que os blocos contribuem pouco para a variância fenotípica, resultado também, encontrado por PIRES (1996).

As estimativas de herdabilidade com base nas médias de famílias foram superiores às estimativas de herdabilidade dentro de famílias para os caracteres CAP e ALT, indicando que a seleção com base nas médias das famílias deverá ser mais eficiente que a seleção dentro de famílias. Tais resultados estão em conformidade com aqueles encontrados por outros autores que trabalham com espécies do gênero *Eucalyptus* (PAULA, 1997; PIRES, 1996).

### **Ganhos por seleção entre e dentro e seleção combinada**

Na tabela 4 apresentam-se as estimativas de ganhos genéticos com os processos de seleção entre e dentro e seleção combinada para os caracteres ALT e CAP. Consideraram-se duas intensidades de seleção, correspondendo às seleções de 20% e 25% das famílias, respectivamente.

O processo de seleção combinada apresentou resultados sempre superiores aos dos processos de seleção entre e dentro, isto se encontra em

conformidade com o que normalmente é comentado nas literaturas (LUSH, 1964; SILVA, 1982; FALCONER, 1987; PIRES, 1996; PAULA, 1997). PIRES (1996), trabalhando com progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, também encontrou resultados semelhantes, tendo concluído ainda que o processo de seleção combinada é especialmente recomendado nos casos em que se tem baixa variabilidade dentro de famílias.

Foi observado que a eficiência do processo de seleção combinada em comparação aos processos de seleção entre e dentro foi sempre superior à unidade, verificando mais uma vez, que a seleção combinada deve ser preferida como metodologia de seleção, principalmente quando se dispõe de recursos computacionais para a sua utilização.

É importante salientar que, apesar da aparente superioridade da seleção combinada, os processos de seleção entre e dentro também proporcionaram ganhos bem expressivos e, como são mais simples de serem usados, por não envolverem cálculos matriciais, também devem ser considerados como instrumentos de ordenamentos de candidatos à seleção.

Deve ser considerado ainda um fato importante no que diz respeito à influência exercida pela seleção combinada no tamanho efetivo praticado. Apesar dessa seleção ser superior à seleção entre e dentro, com relação aos ganhos esperados, em alguns casos ela pode levar à seleção de poucas famílias, o que não seria desejável em termos de base genética. Dessa forma, a seleção combinada para ser realmente superior à seleção entre e dentro deveria proporcionar ganhos genéticos esperados superiores, elevando ou mesmo mantendo o número de famílias a serem recombinadas.

No presente trabalho, o número de progênies eleitas pela seleção entre e dentro para futura recombinação foi de 62 para os caracteres CAP e ALT, enquanto que para a seleção combinada o mesmo número foi de 100 progênies para CAP e 87 progênies para ALT.

Assim, a seleção combinada teve uma influência positiva no que diz respeito ao tamanho

**Tabela 4.** Ganhos genéticos por seleção entre e dentro e seleção combinada em progênies de *Eucalyptus grandis*, quanto às características circunferência à altura do peito (CAP) e altura de plantas (ALT), considerando-se duas intensidade de seleção

Porcentagem selecionada	Ganhos de Seleção	CAP
20%	GSe	44,0855
	GSd	40,9504
	GSe + GSd	85,0359
	GSc	109,2040
	GSc/(GSd+GSd)	1,2735
25%	GSe	39,6306
	GSd	42,6694
	GSe + GSd	82,300
	GSc	104,8136
	GSc/(GSd+GSd)	1,2736

Gse=ganho por seleção entre famílias; GSd=ganho por seleção dentro de famílias; GSc=ganho por seleção combinada.

efetivo da população, para ambas as características, uma vez que a mesma aumentou em muito o número de famílias a serem recombinadas.

Diante das considerações anteriores, pode-se deduzir que, provavelmente, que a maior eficiência da seleção combinada seja devida, exatamente, ao fato de incluir o maior número de famílias para futuras recombinações, maximizando o ganho genético esperado. Assim, a seleção combinada, além de maximizar os ganhos esperados, inclui indivíduos superiores de famílias intermediárias e indivíduos intermediários de famílias superiores, podendo afirmar que essa seleção foi superior à seleção entre e dentro nas populações de *Eucalyptus grandis* em estudo.

## CONCLUSÕES

O processo de seleção combinada apresenta ganhos genéticos esperados sempre superiores ao processo de seleção entre e dentro para os caracteres em estudo.

O processo de seleção combinada indica que

um maior número de famílias seja utilizada na recombinação, para os caracteres em estudo, quando comparado ao processo de seleção entre e dentro, o que, influencia significativamente o tamanho efetivo da população em estudo.

## LITERATURA CITADA

- CRUZ, C. D., REGAZZI, A. J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1994. 390p.
- FALCONER, D. S. *Introdução à genética quantitativa*. Tradução de SILVA, M. A., SILVA, J. C. Viçosa, UFV, Imprensa Universitária, 1987. 279p.
- GARCIA, C.H. *Tabelas para classificação do coeficiente de variação*. Brasília: IPEF, 1989. 11p. (Circular técnica, 171).
- KAGEYAMA, P.Y. *Variações genéticas em progênies de uma população de Eucalyptus grandis W. Hill ex Maiden*. Piracicaba: ESALQ,

1980. 125p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz, 1980.
- KAGEYAMA, P.Y. *Seleção precoce a diferentes idades em progênies jovens de Eucalyptus grandis W. Hill ex Maiden*. Piracicaba: ESALQ, 1983. 147p. Tese (Livre Docência) - Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz, 1983.
- LIMA, W. de P. *Impacto ambiental do eucalipto*. São Paulo: Universidade de São Paulo, 13. 301 p.
- LUSH, J. L. *Melhoramento dos animais domésticos*. Rio de Janeiro: CEDEGRA, 1964. 566p.
- MARTINS, I. S. *Comparação entre métodos uni e multivariados aplicados na seleção em Eucalyptus grandis*. Viçosa: UFV, 1999. 94p. (Doutorado em Genética e Melhoramento)- Universidade Federal de Viçosa, 1999.
- PAULA, R. C. de. *Avaliação de diferentes critérios de seleção aplicados em melhoramento florestal*. Viçosa: UFV, 1997. 74p. (Doutorado em Ciências Florestais) – Universidade Federal de Viçosa, 1997.
- PIRES, I. E. *Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de Eucalyptus spp*. Viçosa: UFV, 1996. 116p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- SCÁRDUA, F.P. *Variabilidade em progênies de Eucalyptus camaldulensis Dehnh, na Fazenda Água Limpa - DF, a diferentes idades*. Brasília: UnB, 1991. 72p. Dissertação (Graduação em Engenharia Florestal) - Universidade de Brasília, 1991.
- SILVA, M. de A. *Melhoramento animal (métodos de seleção)*. Viçosa, MG: UFV, Imprensa Universitária, 1982. 51p.
- VENCOVSKY, R., BARRIGA, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética. 1992. 406p.
- XAVIER, A. *Variabilidade genética de óleo essencial e de crescimento em progênies de meios-irmãos de Eucalyptus citriodora Hook*. Viçosa: UFV, 1993. 72p. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Universidade Federal de Viçosa, 1993.



**Tabela 1.** Esquema da análise de variância, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios, dos caracteres circunferência à altura do peito (CAP) e altura de plantas (ALT).

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	J - 1	Q1	$+Ka]$
Progénies	1 - 1	Q2	$+Ka^{\wedge} + KJa^2,$
Entre parcelas	(I-D(J-1)	Q3	$+Ka^{\wedge}$
Dentro de parcelas	U (K - 1)	Q4	$+Ka^{\wedge}$

QM = quadrado médio; E(QM) = esperança matemática dos quadrados médios;  $\sigma^{\wedge}$  = componente de variância devido a variação dentro de parcelas;  $\sigma^{\wedge}$  = componente de variância devido ao erro entre parcelas;  $\sigma^{\wedge}$  = componente de variância devido ao efeito de blocos e  $\sigma^{\wedge}$  = componente de variância genética.

**Tabela 2.** Resumo dos resultados da análise de variância referentes às características circunferência à altura do peito (CAP) e altura de plantas (ALT)

FV	GL	QM	ALT
Blocos	3	3873,7647	1469,9879
Progénies	247	1391,4154*	225,0379*
Entre parcelas	741	427,4657	70,2722
Dentro de parcelas	4960	421,1736	61,9595
Médias		17,4903	7,0200
CV%		5,8550	16,7669

\* Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F; CV% = coeficiente de variação experimental

**TABELA 2 –** Resumo dos resultados da análise de variância referentes às características circunferência à altura do peito (CAP) e altura das plantas (ALT)

FV	QM		
	GL	CAP	ALT
Blocos	3	3873,7647	1469,9879
Progénies	247	1391,4154*	225,0379*
Entre parcelas	741	427,4657	70,2722
Dentro de parcelas	4960	421,1736	61,9595
Médias		17,4903	7,0200
CV%		5,8550	16,7669

\* Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F; CV% = coeficiente de variação experimental

Tabela 3. Estimativas de herdabilidade e coeficientes de variação, em vários níveis para os caracteres avaliados.

Herdabilidades	CAP	ALT
$h^2_m$	0,6928	0,687732
$h^2_d$	0,2861	0,312231
$h^2_b$	0,3474	0,3696
$H^2_e$	0,3457	0,364665
CVge	36,2346	36,1736
CVgd	62,7603	62,6549
Cvge/CVxp	6,19	2,15
CVgd/CVexp	10,70	3,74

CVexp, CVge e CVgd=coeficiente de variação experimental, coeficiente de variação genética entre famílias e coeficiente de variação genética dentro de famílias;  $h^{\wedge}$ ,  $h^{\sim}$ ,  $h^{\cdot}$ ,  $h^{\prime\prime}$ =coeficientes de herdabilidade em nível de médias de famílias, em nível de indivíduos dentro de famílias, em nível de indivíduos dentro de blocos e em nível de indivíduos no experimento, respectivamente.