

Herdabilidade e sua aplicação na seleção e no melhoramento genético vegetal: fundamentos e estratégias

Daniela Popim Miqueloni^{1*}

¹Doutora em Produção Vegetal, Universidade Federal do Acre, Brasil. (*Autor correspondente: danimique@yahoo.com.br).

Histórico do Artigo: Submetido em: 23/10/2025 – Revisado em: 14/05/2026 – Aceito em: 23/05/2026

RESUMO

Este artigo apresenta uma revisão teórica sobre os fundamentos e estimativas da herdabilidade e suas aplicações práticas em programas de melhoramento genético vegetal. A herdabilidade é um parâmetro genético essencial para seleção, refletindo a porção herdável da variância fenotípica. Assim, seus fundamentos e estimativas são apresentados, indicando sua aplicação no melhoramento genético vegetal. Estrutura populacional, métodos de avaliação e condução experimental são fatores importantes na estimação da herdabilidade; com baixa variabilidade genética, as herdabilidades médias são mais robustas. Estratégias baseadas em medições repetidas e na repetibilidade contribuem para aumentar a eficiência de seleção. A escolha da unidade de seleção e a forma de estimativa devem considerar os objetivos do melhoramento, a interação genótipo x ambiente e os sistemas reprodutivos das espécies.

Palavras-Chaves: Estimação individual, Média de parcela, Estratégias.

Heritability and its application in plant selection and breeding: fundamentals and strategies

ABSTRACT

This article provides a theoretical review of the fundamentals and estimation of heritability and its practical applications in plant breeding programs. Heritability is an essential genetic parameter for selection, reflecting the heritable portion of phenotypic variance. Thus, its fundamentals and estimates are presented, indicating its application in plant breeding. Population structure, evaluation methods, and experimental design are important factors in heritability estimation; with low genetic variability, average heritabilities are more robust. Strategies based on repeated measurements and repeatability contribute to increasing selection efficiency. The choice of the selection unit and the estimation method should consider the breeding objectives, the genotype × environment interaction, and the reproductive systems of the species.

Keywords: Individual estimation, Plot mean, Strategies.

1. Introdução

A herdabilidade é um conceito central na genética quantitativa, sendo amplamente utilizado como ferramenta essencial em programas de melhoramento genético. Representa a proporção da variância fenotípica de uma característica atribuível à variância genética, oferecendo subsídios para a seleção de genótipos superiores e a previsão de ganhos genéticos em populações futuras.

A origem científica desse campo remonta aos estudos pioneiros de Gregor Mendel, que no século XIX elucidou os princípios da herança genética monogênica por meio de experimentos com ervilhas. Mendel demonstrou que algumas características fenotípicas são transmitidas de maneira previsível, estabelecendo as bases da genética clássica. Posteriormente, no início do século XX, os trabalhos de G. H. Hardy e W. Weinberg consolidaram os fundamentos da genética de populações ao formular um modelo que descreve o equilíbrio das frequências gênicas em populações ideais, considerando fatores como seleção, deriva genética

Miqueloni DP. Herdabilidade e sua aplicação na seleção e no melhoramento genético vegetal: fundamentos e estratégias. Revista Universitária Brasileira. 2026;4(3):102 – 108.



e migração¹.

Já na segunda metade do século XX, a descoberta da estrutura de dupla hélice do DNA por James Watson e Francis Crick e os avanços da genética molecular revolucionaram a compreensão dos mecanismos genéticos observados por Mendel e equacionados por Hardy e Weinberg. Esses avanços permitiram a integração de marcadores fenotípicos e moleculares na análise de características quantitativas, possibilitando estimativas mais precisas de herdabilidade e a identificação de loci de caracteres quantitativos (QTLs).

Na genética quantitativa, a diferenciação entre herdabilidade no sentido amplo, que considera todas as fontes de variância genética, e herdabilidade no sentido restrito, que avalia apenas os efeitos aditivos, é essencial. Enquanto a herdabilidade em sentido amplo é útil na propagação clonal, a herdabilidade restrita é crucial em programas de seleção envolvendo reprodução sexuada, uma vez que apenas os efeitos aditivos são transmitidos à progênie.

Nos programas de melhoramento genético, a herdabilidade é um indicador de quão eficaz será a seleção, orientando ainda as estratégias e ferramentas para a condução dos experimentos. Características com alta herdabilidade indicam que grande parte da variação fenotípica é atribuível à variação genética, majoritariamente monogênica, permitindo seleção direta e mais eficiente. Por outro lado, para características de baixa herdabilidade, a maioria dos caracteres de interesse produtivo, a influência ambiental é predominante, demandando estratégias mais refinadas para isolar os efeitos genéticos. A incorporação de ferramentas biotecnológicas, como marcadores moleculares, e avanços computacionais tem ampliado significativamente a capacidade de selecionar genótipos superiores em populações diversas².

O presente trabalho tem como objetivo apresentar brevemente os fundamentos teóricos e as estimativas de herdabilidade, apresentando sua aplicação em estratégias de seleção e melhoramento genético, destacando como esse parâmetro orienta a tomada de decisões de forma a maximizar o potencial genético e atender às demandas da agricultura moderna.

2. Afinal, o que é herdabilidade?

Herdabilidade é um parâmetro genético populacional que se refere à proporção relativa das influências genéticas na manifestação fenotípica dos caracteres, ou seja, o quanto da variância fenotípica é atribuído às causas genéticas, indicando ainda o grau de dificuldade para melhorar determinado caráter³. Assim, caracteres com baixa herdabilidade exigirão métodos de seleção mais elaborados em relação àqueles com alta herdabilidade⁴. Outro papel fundamental deste parâmetro está relacionado à predição, expressando a confiabilidade do valor fenotípico como guia para o valor genético nos estudos de caracteres quantitativos⁵.

Segundo Fehr⁶, de forma geral, a herdabilidade (h^2) pode ser definida como a razão da variância genotípica e da variância fenotípica (Equação 1):

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} \quad (1)$$

Onde: σ_g^2 é variância genotípica e σ_f^2 é a variância fenotípica. A variância fenotípica ainda pode ser dividida em componentes atribuídos aos fatores que causam os diferentes desempenhos entre indivíduos, como interação genótipo x ambiente, que pode incluir as influências de diferentes locais, anos e medições. A variância genotípica é a variação causada pelas diferenças genéticas entre os indivíduos, sendo a soma das variâncias genéticas aditiva, de dominância e epistática, sendo as duas últimas relativas às interações alélicas e gênicas (Equação 2):

$$\sigma_g^2 = \sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_i^2 \quad (2)$$

Onde: σ_a^2 é a variância genética aditiva, σ_d^2 é a variância de dominância e σ_1^2 é a variância epistática.

A herdabilidade pode também ser expressa no sentido amplo ou restrito. O sentido amplo é a razão da variância genotípica, incluindo as variâncias genéticas aditiva e de dominância, desconsiderando o efeito epistático, tem-se (Equação 3) que mede o grau de determinação do caráter em estudo⁵:

$$h_{amplo}^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_d^2}{\sigma_f^2} \quad (3)$$

O sentido restrito é a razão da variância genética aditiva e a variância fenotípica (Equação 4), que, na prática, determina a melhor estratégia de cruzamento a ser utilizada no melhoramento⁵:

$$h_{restrito}^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_f^2} \quad (4)$$

A primeira, no sentido amplo, é importante quando a seleção a ser praticada ocorre nos mesmos indivíduos selecionados, multiplicados por propagação clonal, e a segunda, no sentido restrito, em indivíduos descendentes daqueles inicialmente selecionados. Isso acontece segundo Resende⁴ porque somente os efeitos aditivos são transmitidos à progênie via reprodução sexuada e porque na propagação assexuada, os efeitos aditivos e de dominância são capitalizados, ou seja, são acumulados ao longo das gerações.

A magnitude dos valores de herdabilidade pode ser influenciada por diversos fatores, entre eles⁶ (Quadro 1):

Quadro 1 – fatores da magnitude dos valores de herdabilidade

a) População caracterizada, que devido à sua estrutura, pode variar quanto ao número e diversidade genética dos parentais utilizados para formar a população a ser melhorada. Além disso, a forma de reprodução sexuada, se autógama ou alógama, pode alterar os níveis de endogamia e variabilidade dos indivíduos;
b) Amostra dos genótipos avaliados, uma vez que em populações reduzidas toda a segregação é passível de avaliação, o mesmo não ocorre em grandes populações, onde a variância obtida é uma estimativa da verdadeira variância na população. Se tal amostragem for realizada de forma aleatória, os resultados estimados são considerados aplicáveis a todos os membros da população;
c) Desequilíbrio de ligação, onde os alelos de genes diferentes podem estar ligados em fase de atração (exemplo: AB/ab) ou repulsão (Ab/aB), alterando a frequência dos genótipos e, por consequência, a estimativa da variância genética aditiva;
d) O método de cálculo, que pode variar, incluindo análise de regressão do desempenho entre parentais e progênie, pela correlação entre eles, por estimativas indiretas da variação ambiental, por componentes de variância, entre outros;
e) O tipo de avaliação de genótipos, que depende do delineamento utilizado, número de repetições, uma ou mais avaliações, um ou mais locais, uma ou várias plantas por parcela. Neste caso, a unidade de seleção define a forma de estimativa da herdabilidade;
f) Condução do experimento, onde todas as precauções devem ser tomadas para reduzir a variância do erro (σ_e^2), que aumenta a variância fenotípica, e assim melhora a estimativa da herdabilidade do caráter.

3. Unidades de Seleção

Segundo Fehr⁶, o método da estimativa da herdabilidade pelos componentes de variância é muito flexível e permite o uso de várias unidades de seleção, baseadas no indivíduo, na média de parcela, de indivíduos dentro de parcelas, segundo um dado modelo e os objetivos de seleção.

A herdabilidade com base em um indivíduo pode ser da seguinte forma (Equação 5):

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ge}^2 + \sigma_w^2 + \sigma^2} \quad (5)$$

Onde: σ_g^2 é a variância genotípica, σ_{ge}^2 é a variância da interação genótipo x ambiente, σ_w^2 é a variância entre plantas dentro da parcela e σ^2 é a variância entre parcelas ou blocos.

A herdabilidade com base em um indivíduo dentro da parcela pode ser da seguinte forma (Equação 6):

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ge}^2 + \sigma_w^2} \quad (6)$$

Onde: σ_g^2 é a variância genotípica, σ_{ge}^2 é a variância da interação genótipo x ambiente e σ_w^2 é a variância entre plantas dentro da parcela.

A herdabilidade com base na parcela pode ser da seguinte forma (Equação 7):

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ge}^2 + \frac{\sigma_w^2}{n} + \sigma^2} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ge}^2 + \sigma_e^2} \quad (7)$$

Onde: σ_g^2 é a variância genotípica, σ_{ge}^2 é a variância da interação genótipo x ambiente, σ_w^2 é a variância entre plantas dentro da parcela e σ^2 é a variância entre parcelas ou blocos, n é o número de plantas na parcela e σ_e^2 é o erro experimental (Equação 8):

$$\sigma_e^2 = \frac{\sigma_w^2}{n} + \sigma^2 \quad (8)$$

Herdabilidade média, da seguinte forma (Equação 9):

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_{ge}^2}{t} + \frac{\sigma_e^2}{rt}} \quad (9)$$

Onde: σ_g^2 é a variância genotípica, σ_{ge}^2 é a variância da interação genótipo x ambiente, t é o número de medições, σ_e^2 é a variância do erro experimental e r é o número de repetições.

Holland et al.⁷ afirmam ainda que a diversidade de formas de reprodução e estruturação de populações no reino vegetal tornam a estimativa, e muitas vezes, a interpretação deste parâmetro complexa, e considerando os vários arranjos populacionais muitos outros estimadores para a herdabilidade podem ser encontrados.

4. Herdabilidades e estratégias de seleção

As estratégias de melhoramento dependem do sistema de reprodução e da natureza da espécie, se anual ou perene. Considerando espécies alógamas, os esquemas de seleção podem variar entre e dentro de parcelas, ou progênies^{8,9}. Já em espécies autógamas ou clones, a variação dentro de parcela tende a ser nula, voltando o foco da seleção para o indivíduo, o que pode acontecer também com base na média de medidas repetidas^{10,11}.

Em estudo de variabilidade genética em populações australianas de *Pinus caribea* no estado de São Paulo, Macedo et al.⁸ observaram que as estimativas de herdabilidade média de progênies foram maiores que as herdabilidades individuais e de dentro de parcela, sendo, portanto, a seleção com base nas médias de progênies mais eficiente do que no nível de indivíduo para diâmetro a altura do peito (DAP) e altura. O mesmo foi observado em progênies de pupunheiras avaliadas no estado de Rondônia por Rodrigues et al.⁹. Os autores verificaram que após três ciclos de seleção, as progênies apresentaram baixa herdabilidade individual, porém com possibilidade de ganhos com a seleção e clonagem de progênies com possível heterose entre os genótipos de progênies superiores.

Rosado et al.¹¹ analisando diferentes estratégias de seleção de clones de eucalipto obtiveram maiores estimativas de herdabilidade média para DAP, altura e volume de madeira em relação à herdabilidade individual, com valores considerados baixos. Os autores comentam que a herdabilidade da média de genótipos, neste caso, é estimada quando são usadas as médias como unidades de seleção, assim um nível de precisão maior é atingido devido à redução dos erros experimentais pelo incremento do número de repetições. De fato, Vencovsky e Barriga¹² mostram que a herdabilidade média é maior que a individual, uma vez que a influência dos erros experimentais é reduzida (Equações 10 e 11):

$$h_i^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2} \quad (10)$$

$$h_m^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}} \quad (11)$$

Onde: h_i^2 é a herdabilidade individual e h_m^2 é a herdabilidade média de genótipos/clones, σ_g^2 é a variância genotípica, σ_e^2 é a variância do erro experimental e r é o número de repetições.

Rosado et al.¹¹ concluem que a herdabilidade média com valores altos indicam condições favoráveis à seleção de clones com alta acurácia. Os autores comentam ainda que isto indica elevado controle genético das características analisadas e que para seleção de clones, onde os valores genotípicos são preditos com base na média de várias repetições, a herdabilidade média é o parâmetro de maior interesse. Por outro lado, segundo Dias e Resende¹³, este parâmetro pode não ter aplicabilidade prática para inferir sobre o controle genético de dado caráter nas estimativas obtidas no nível de médias, uma vez que os efeitos de dominância podem ter maior importância que os aditivos.

Em híbridos de três progênies de irmãos completos de *Panicum maximum*, Braz et al.¹⁴ observaram baixas estimativas de herdabilidade individual e de médias de colheitas dos caracteres relativos à produção de forragem, sugerindo, contudo, que maiores ganhos com a seleção poderiam ser obtidos por meio da herdabilidade média devido sua maior magnitude relativa. Os autores atribuem as diferenças observadas entre as herdabilidades individual e média à menor variação fenotípica no denominador da herdabilidade média devido à redução na variância residual pelo uso das medidas repetidas. Neste caso de baixa herdabilidade média, mesmo com a variabilidade observada, maior número de medições é necessário para aumentar a eficiência de seleção.

Resende⁴ associa a herdabilidade média à acurácia (Equação 12):

$$Ac = \sqrt{h_m^2} \quad (12)$$

Onde: Ac é a acurácia e h_m^2 é a herdabilidade média, mostrando sua importância na seleção; e à repetibilidade individual e ao número de medições, o que tende a melhorar a estimativa da repetibilidade com o aumento do número de medições da seguinte forma (Equação 13):

$$h_m^2 = \frac{m h_i^2}{[1 + (m - 1)r]} \quad (13)$$

Onde: m é o número de medições e r é o coeficiente de repetibilidade individual (Equação 14):

$$r = \frac{\sigma_g^2 + \sigma_p^2}{\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_{ge}^2 + \sigma_e^2} \quad (14)$$

Onde: σ_p^2 é a variância do efeito de ambiente permanente dentro da parcela (genótipo x bloco), considerando o modelo de repetibilidade para clones e uma planta por parcela.

O coeficiente de repetibilidade representa o limite superior das herdabilidades nos sentidos amplo (propagação clonal) e restrito (propagação por sementes) e pouco infere sobre as herdabilidades quando seu valor é alto, uma vez que inclui o efeito de ambiente permanente no numerador. Quando a classificação da repetibilidade, segundo critério proposto por Resende⁴, é baixa, haverá necessidade de elevado número de medições para prever com precisão o valor real dos indivíduos. Isto ocorre devido ao confundimento da proporção da variância atribuída às causas genéticas com os efeitos de parcela permanente no desenvolvimento dos genótipos¹⁴. Isso indica que a característica possui maior influência da interação com o ambiente, uma vez que a variância deste efeito também compõe o denominador para a estimativa da repetibilidade. Assim a utilização da repetibilidade é útil no melhoramento de populações onde haverá apenas a eliminação das piores plantas no mesmo local de avaliação ou plantio clonal de indivíduos selecionados, onde o efeito permanente é mínimo⁴.

5. Considerações finais

A estimativa da herdabilidade depende de vários fatores, porém os objetivos do melhoramento devem orientar sua forma de obtenção e esta, por sua vez, deve orientar a escolha da melhor estratégia de seleção, se baseada na informação de indivíduos ou na média de família ou medições, ou seja, a unidade de seleção.

Segundo Resende⁴, com herdabilidades individuais altas, acima de 0,50, a vantagem no uso de informação de médias é praticamente nula e a seleção baseada apenas na informação do indivíduo já proporciona alta acurácia ($> 0,70$). Isto justifica o uso das herdabilidades médias apenas em casos onde a herdabilidade individual é baixa ou a influência da variação residual é alta, esta podendo ser reduzida pelo uso de medidas repetidas¹⁴.

Por fim, de acordo com Dias e Resende¹³, as estimativas de herdabilidade e de repetibilidade no nível de planta são consideradas ideais, uma vez que as estimativas em nível de média de parcelas limitam a comparação entre trabalhos, pois tendem a utilizar números de repetições e tamanhos de parcelas diferentes.

Dessa forma, espera-se que o presente trabalho sirva como base conceitual e prática para estudantes e profissionais que buscam compreender e aplicar a herdabilidade como ferramenta de seleção e melhoramento

genético vegetal.

6. Referências

1. Edwards AWF, G. H. Hardy (1908) and Hardy–Weinberg equilibrium. *Genetics*. 2008;3:1143-1150. <https://doi.org/10.1534/genetics.104.92940>
2. Resende MDV. *Genética Quantitativa e de Populações*. Viçosa, MG: Suprema; 2015.
3. Cruz CD, Regazzi AJ, Carneiro PCS. *Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético*. 3ª ed. Viçosa, MG: UFV; 2004.
4. Resende MDV. *Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes*. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica; 2002.
5. Falconer DS. *Introduction to Quantitative Genetics*. New York: Ronald Press; 1960.
6. Fehr WR. *Principles of Cultivar Development*. 3ª ed. Ames: Macmillian Publishing Company; 1993.
7. Holland JB, Nyquist WE, Cervantes-Martinez CT. Estimating and Interpreting Heritability for Plant Breeding: An Update. In: Janick J, ed. *Plant Breeding Reviews*, v. 22, Oxford, UK: John Wiley & Sons, 2003: 9-112.
8. Macedo HR, Freitas MLM, Boas OV, Sebbenn AM. Variabilidade genética em progênes de *Pinus caribea* var. *hondurensis* aos 21 anos de idade. *Revista do Instituto Florestal*. 2015;27(1):31-39. <https://doi.org/10.4322/rif.2015.003>.
9. Rodrigues HS, Cruz CD, Macêdo JLV, Resende MDV, Lopes R, Borém A. Genetic variability and progeny selection of peach palm via mixed models (REML/BLUP). *Acta Scientiarum. Agronomy*. 2017;39(2):156-173. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v39i2.32495>.
10. Resende RMS, Valle CB, Jank L. *Melhoramento de Forrageiras Tropicais*. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte; 2008.
11. Rosado AM, Rosado TB, Alves AA, Laviola BG, Bhering LL. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 2012;47(7):964-971.
12. Vencovsky R, Barriga P. *Genética Biométrica no Fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética; 1992.
13. Dias LAS, Resende MDV. Estratégias e métodos de seleção. In: Dias LAS, ed. *Melhoramento Genético do Cacaueiro*. Viçosa, MG: FUNAPE, UFG. 2001. <http://ecoport.org/ep?SearchType=earticleView&earticleId=166&page=-2>. Acessado em 17 nov. 2017.

14. Braz TGS, Fonseca DM, Jank L, Resende MDV, Marstuscello JA, Simeão RM. Genetic parameters of agronomic characters in *Panicum maximum* hybrids. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 2013;42(4):231-237. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982013000400001>.