



CERNE

ISSN: 0104-7760

cerne@dcf.ufla.br

Universidade Federal de Lavras

Brasil

Soares Martins, Ildeu; Damião Cruz, Cosme; das Graças de Barros Rocha, Maria; Josè Regazzi, Adair
José; Eleotério Pires, Ismael

Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênies
de *Eucalyptus grandis*

CERNE, vol. 11, núm. 1, janeiro-março, 2005, pp. 16-24

Universidade Federal de Lavras

Lavras, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=74411102>

- Como citar este artigo
- Número completo
- Mais artigos
- Home da revista no Redalyc

redalyc.org

Sistema de Informação Científica

Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe, Espanha e Portugal

Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

COMPARAÇÃO ENTRE OS PROCESSOS DE SELEÇÃO ENTRE E DENTRO E O DE SELEÇÃO COMBINADA, EM PROGÊNIES DE *Eucalyptus grandis*

Ildeu Soares Martins¹, Cosme Damião Cruz², Maria das Graças de Barros Rocha³,
Adair José Regazzi⁴, Ismael Eleotério Pires⁵

(recebido: 25 de fevereiro de 2000; aceito: 10 de janeiro de 2005)

RESUMO: Utilizando-se seis experimentos envolvendo famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis*, conduzidos pela Celulose Nipo Brasileira (CENIBRA), em seis locais, onde foram anotados dados de circunferência à altura do peito (CAP) e altura das plantas (ALT), foram comparadas as metodologias de seleção entre e dentro com a seleção combinada. O processo de seleção combinada mostrou-se superior ao de seleção entre e dentro, devido às maiores estimativas de ganhos genéticos esperados e também ao fato de selecionar maior número de famílias para recombinação.

Palavras-chave: *Eucalyptus*, melhoramento florestal, seleção combinada.

COMPARISON BETWEEN AND WITHIN FAMILY SELECTIONS WITH THE COMBINED SELECTION IN PROGENY TESTS OF *Eucalyptus grandis*

ABSTRACT: This study used six experiments involving half-sub families of *Eucalyptus grandis*, which were carried out by Celulose Nipo Brasileira S. A. (CENIBRA) at six locations. Data on circumference at breast height and plant height were measured. Selection methods among and within families were compared with combined selection. The combined selection was superior to selection among and within families due to higher estimates of genetic gains, and also for selecting a larger number of families for recombination.

Key words: *Eucalyptus*, forest tree improvement, combined selection.

1 INTRODUÇÃO

Na obtenção de florestas cada vez mais produtivas é importante considerar, além do desenvolvimento de novas técnicas de manejo, os aspectos genéticos, uma vez que a floresta é o resultado das ações e interações dos genótipos que a constituem com o ambiente no qual está crescendo. Assim, o melhoramento genético vem complementar a ação do manejo florestal, gerando povoamentos mais produtivos e adaptados a diferentes regiões e mais condizentes com os diferentes usos da madeira. Neste contexto, a seleção de fenótipos superiores, sejam indivíduos ou famílias, é uma prática de considerável importância para o melhorista, uma vez que a obtenção de populações melhoradas passa pela seleção e recombinação de indivíduos ou famílias.

A possibilidade de predição de ganhos a serem obtidos por uma dada estratégia de melhoramento, constitui uma das mais importantes contribuições da genética quantitativa às domesticações de culturas de uma forma geral.

Existem vários métodos e seleção genética, alguns são complementares, outros concorrentes, e a escolha depende das magnitudes e sentidos dos ganhos genéticos conseguidos e da facilidade de aplicação dos mesmos.

A seleção direta entre e dentro de famílias é uma alternativa interessante, pois seleciona tanto as melhores famílias quanto os melhores indivíduos dentro das famílias.

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

¹ Professor do Departamento de Engenharia Florestal da UNB – Universidade de Brasília – Cx. P. 04357 – 70.910-000 – Brasília, DF.

² Professor do Departamento de Biologia Geral – Universidade Federal de Viçosa/UFV – 36.571-000 – Viçosa, MG.

³ CENIBRA – Celulose Nipo Brasileira S. A. – Rodovia BR 381, Km 172, Distrito de Perpétuo Socorro – 35.196-000 – Belo Horizonte, MG.

⁴ Professor do Departamento de Informática/UFV – 36.571-000 – Viçosa, MG.

⁵ Professor do Departamento de Engenharia Florestal/UFV – 36.571-000 – Viçosa, MG.

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.

Com o presente trabalho objetivou-se comparar os processos de seleção entre e dentro e a seleção combinada, em progênies de populações de *Eucalyptus grandis*, em seis locais.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos com famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis* foram instalados e conduzidos pela Celulose Nipo - Brasileira S.A. (CENIBRA), em seis locais de experimentação, denominados de TP66A1, TP66A2, TP66B1, TP66B2, TP66C1 e TP66C2. Foram utilizados, em todos os referidos locais, o modelo em blocos ao acaso com informação dentro de parcelas, com 4 repetições e 6 plantas por parcela, no espaçamento 3 x 2 m.

O local 1, denominado TP66A1, situa-se no município de Rio Doce, MG, na latitude 19° 10' S, longitude de 42° 20' W, com altitude variando de 220 m a 425 m, em situação de encosta. O experimento foi instalado em dezembro de 1993 e avaliado em outubro de 1997, considerando dados de 248 famílias.

O local 2, denominado TP66A2, situa-se também no município de Rio Doce, MG, tendo o experimento sido conduzido em condições de baixada, instalado em dezembro de 1993 e avaliado em maio de 1997, considerando dados de 240 famílias.

O local 3, denominado TP66B1, situa-se no município de Sabinópolis, MG, na latitude 18° 39' S, longitude de 42° 51' W, com altitude variando de 820 m a 980 m, em situação de encosta. O experimento foi instalado em dezembro de 1993 e avaliado em maio de 1997, considerando dados de 245 famílias.

O local 4, denominado TP66B2, situa-se no município de Virginópolis, MG, na latitude 18° 45' S, longitude de 42° 34' W, com altitude variando de 742 m a 992 m, em situação de encosta.

O experimento foi instalado em dezembro de 1993 e avaliado em março de 1997, considerando dados de 239 famílias.

O local 5, denominado TP66C1, situa-se no município de Santa Bárbara, MG, na latitude 19° 34' S, longitude de 42° 58' W, com altitude variando de 815 m a 1.099 m, em situação de encosta. O experimento foi instalado em dezembro de 1993 e avaliado em setembro de 1997, considerando dados de 248 famílias.

O local 6, denominado TP66C2, situa-se no município de Piracicaba, MG, na latitude 19° 27' S, longitude de 42° 52' W, com altitude variando de 995 m a 1.230 m, em situação de encosta. O experimento foi instalado em dezembro de 1993 e avaliado em junho de 1997, considerando dados de 245 famílias.

As variáveis avaliadas no presente trabalho foram circunferência à altura do peito (CAP) e altura de plantas (ALT).

Foram estimados os ganhos de seleção dentro das famílias de meios-irmãos nos seis locais de experimentação, considerando os dois métodos de estimação, conforme Cruz & Regazzi (1994): no primeiro método, o ganho por seleção dentro de famílias é obtido por: $\Delta G_d = DS_d \cdot h_d^2$, em que ΔG_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.

No segundo método, o ganho por seleção dentro de famílias é obtido por

$\Delta G_d = i \cdot h_d \cdot DP_g$, em que a intensidade de seleção (i) e o desvio-padrão genético (DP_g) se referem agora à seleção entre plantas dentro de famílias.

Os ganhos por seleção entre e dentro são obtidos, para cada um dos métodos, pela seguinte expressão (CRUZ & REGAZZI, 1994; SILVA, 1982):

$\Delta G_{ed} = \Delta G_e + \Delta G_d$, em que ΔG_{ed} é o ganho por seleção entre e dentro, ΔG_e é o ganho por seleção direta entre famílias, obtido pela expressão: $\nabla G_e = dsxh^2$, em que ds é o diferencial de seleção entre famílias e h^2 é a herdabilidade com base nas médias das famílias e ΔG_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 por: $\Delta\text{Ged}\% = (\Delta\text{Ged}.100)/\bar{X}$.

Para estimar os ganhos por seleção combinada, utilizou-se o índice proposto por Pires (1996), o qual é 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 da indivíduo ijk;

$\bar{Y}_{.j.}$ é a média da repetição j;

$\bar{Y}_{...}$ é a média geral da população;

c_1 e c_2 são os coeficientes obtidos pela maximização entre o índice e o agregado genotípico, conforme a teoria dos índices de seleção.

Considera-se que:

$D_1 = y_{ijk} - \bar{y}_{.j.}$: desvio do valor fenotípico individual em relação à média da repetição a que pertence, e que:

$D_2 = \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{...}$: desvio do valor fenotípico da família em relação à média geral.

Como se deseja obter o índice de seleção combinada que possibilite a melhor predição do valor genotípico individual, o agregado genotípico, pela teoria do índice é dado por: $H = g_{ijk}$, em que g_{ijk} é o valor genotípico individual.

Dessa forma, as estimativas dos coeficientes c_1 e c_2 podem ser obtidas por meio do sistema: $Pb = Ga$, em que:

$$P = \begin{bmatrix} V(D_1) & Cov(D_1, D_2) \\ Cov(D_1, D_2) & V(D_2) \end{bmatrix}$$

$$b = \begin{bmatrix} c_1 \\ c_2 \end{bmatrix}$$

$$G = \begin{bmatrix} Cov(D_1, g_{ijk}) \\ Cov(D_2, g_{ijk}) \end{bmatrix}$$

$$a = [1]$$

Dessa forma, o ganho por seleção combinada pode ser obtido pela expressão (PIRES, 1996):

$$GS_i = \frac{Cov(I_{ijk}, H_{ijk})}{V(I_{ijk})} DS_i = DS_i \quad \text{ou,}$$

então:

$$GS_i = i\hat{\sigma}_I,$$

em que:

GS_i é o ganho por seleção combinada na característica i;

i é a intensidade de seleção;

$\hat{\sigma}_I$ é o desvio-padrão do índice.

Para cada variável, em todos os locais, considerou-se uma seleção de 25% de famílias e 25% de indivíduos dentro de famílias e seleção no sentido de acréscimo em CAP e ALT.

3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Os ganhos genéticos variaram com a característica e com o local de experimentação, mas, de uma forma geral, os mesmos foram expressivos para ambas, em todos os locais de experimentação.

No local 1 de experimentação, as estimativas de ganhos genéticos foram substancialmente superiores aos outros locais.

O processo de seleção combinada apresentou estimativas de ganhos superiores aos processos de seleção entre e dentro, fato este em conformidade com o normalmente relatado em literaturas (FALCONER, 1981; LUSH, 1964; PAULA, 1997; PIRES, 1996; SILVA, 1982). Pires (1996), trabalhando com progênies de *Eucalyptus camaldulensis*, 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.

A eficiência do processo de seleção combinada, em comparação com os processos de seleção entre e dentro, foi sempre superior à unidade, em alguns casos superando 1,30. Isto indica que a seleção combinada deve ser preferida como método de ordenamento de candidatos (famílias e indivíduos) à seleção, principalmente

quando dispõem-se de recursos computacionais para a sua utilização. No entanto, apesar da aparente superioridade da seleção combinada, os processos de seleção entre e dentro também

proporcionaram ganhos genéticos expressivos e, como são mais simples de serem usados, devem continuar sendo considerados como instrumento de ordenamento de candidatos à seleção.

Tabela 1 – 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, no município de Rio Doce, MG.

Table 1 – Genetic gain in circumference at breast height (CAP) and plant height (ALT) for *Eucalyptus grandis* subjected to between and within selection and combined selection, considering both methods of estimation, in hillslope soils in Rio Doce county, MG.

Métodos de estimar o ganho	Ganhos de seleção	%	
		CAP	ALT
Método 1	GSe	39,63	39,68
	GSd	41,99	36,92
	GSe + GSd	80,62	76,60
	GSc	86,52	79,57
	GSc/(GSe + GSd)	1,06	1,04
Método 2	GSe	38,34	38,13
	GSd	42,67	44,50
	GSe + GSd	81,01	82,63
	GSc	104,81	105,93
	GSc/(GSe + GSd)	1,29	1,28

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.

Tabela 2 – 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, em solo de baixada, no município de Rio Doce, MG.

Table 2 – Genetic gain in circumference at breast height (CAP) and plant height (ALT) for *Eucalyptus grandis* subjected to between and within family selection and combined selection, considering both methods of estimation, in lowland soils in Rio Doce county- MG.

Métodos de estimar o ganho	Ganhos de Seleção	%	
		CAP	ALT
Método 1	GSe	26,40	27,03
	GSd	21,19	19,43
	GSe + GSd	47,59	46,46
	GSc	52,48	49,38
	GSc/(GSe + GSd)	1,10	1,06
Método 2	GSe	27,04	27,02
	GSd	29,06	31,08
	Gse + GSd	56,10	58,10
	GSc	73,19	74,74
	GSc/(Gse + GSd)	1,30	1,29

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.

Tabela 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, no município de Sabinópolis, MG.

Table 3 – Genetic gain in circumference at breast height (CAP) and plant height (ALT) for *Eucalyptus grandis* subjected to between and within family selection and combined selection, considering both methods of estimation, in hillslope soils in Sabinópolis county, MG.

Métodos de estimar o ganho	Ganhos de seleção	%	
		CAP	ALT
Método 1	GSe	12,43	11,43
	GSd	9,37	6,17
	GSe + GSd	21,80	17,60
	GSc	24,69	20,38
	GSc/GSe + GSd)	1,13	1,15
Método 2	GSe	14,28	13,63
	GSd	14,61	14,87
	Gse + GSd	28,89	28,50
	GSc	37,77	36,75
	GSc/GSe + GSd)	1,31	1,29

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.

Tabela 4 – 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, no município de Virginópolis, MG.

Table 4 – Genetic gain in circumference at breast height (CAP) and plant height (ALT) for *Eucalyptus grandis* subjected to between and within family selection and combined selection, considering both methods of estimation, in hillslope soils in Virginópolis county, MG.

Métodos de estimar o ganho	Ganhos de seleção	%	
		CAP	CAP
Método 1	GSe	14,33	12,46
	GSd	10,69	7,67
	GSe + GSd	25,02	20,13
	GSc	30,08	24,64
	GSc/GSe + GSd)	1,20	1,22
Método 2	GSe	14,54	13,07
	GSd	13,10	12,33
	Gse + GSd	27,64	25,40
	GSc	36,82	33,38
	GSc/GSe + GSd)	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.

Tabela 5 – 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, no município de Santa Bárbara, MG.

Table 5 – Genetic gain in circumference at breast height (CAP) and plant height (ALT) for *Eucalyptus grandis* subjected to between and within family selection and combined selection, considering both methods of estimation, in hillslope soils in Santa Bárbara county, MG.

Métodos de estimar o ganho	Ganhos de seleção	%	
		CAP	ALT
Método 1	GSe	20,77	20,24
	GSd	18,01	13,82
	GSe + GSd	38,78	34,06
	GSc	42,91	37,90
	GSc/(GSe + GSd)	1,11	1,11
Método 2	GSe	22,23	21,60
	GSd	23,21	23,57
	Gse + GSd	45,44	45,17
	GSc	59,31	58,40
	GSc/(GSe + GSd)	1,31	1,29

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.

Tabela 6 – 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, no município de Piracicaba, MG.

Table 6 – Genetic gain in circumference at breast height (CAP) and plant height (ALT) for *Eucalyptus grandis* subjected to between and within family selection and combined selection, considering both methods of estimation, in hillslope soils in Piracicaba county- MG.

Métodos de estimar o ganho	Ganhos de seleção	%	
		CAP	ALT
Método 1	GSe	12,54	10,09
	GSd	9,25	5,70
	GSe + GSd	21,79	15,79
	GSc	23,51	17,44
	GSc/(GSe + GSd)	1,08	1,10
Método 2	GSe	13,42	11,06
	GSd	14,71	12,32
	Gse + GSd	28,13	23,38
	GSc	36,35	29,91
	GSc/(GSe +GSd)	1,29	1,28

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

Método1= ganhos estimados usando-se o diferencial de seleção.

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

A superioridade da seleção combinada pode também ser explicada com base nos pesos calculados para indivíduos e famílias, os quais são incluídos no índice de seleção combinada. Os pesos para famílias e indivíduos são funções das respectivas herdabilidades.

As herdabilidades entre famílias foram sempre maiores que dentro de famílias, levando a uma relação peso da família/peso do indivíduo sempre superior à unidade. Esta relação peso da família/peso do indivíduo variou de 1,7 a 3,4, indicando que a consideração da informação da família aumenta substancialmente a eficiência da seleção.

O indivíduo, apesar de ter um peso inferior ao da família, tem também uma importância que deve ser considerada como forma de aumentar a eficiência da seleção.

A seleção baseada nas informações sobre indivíduos e famílias (Tabela 7) indica que um único estágio (seleção combinada) é mais eficiente em termos de resposta percentual que a seleção de

famílias e indivíduos em dois estágios distintos (seleção entre e dentro).

Outra consideração importante, em termos de seleção combinada, diz respeito ao número de famílias selecionadas, uma vez que, apesar de a mesma normalmente ser superior à seleção entre e dentro, pode levar à seleção de poucas famílias, o que não seria desejável em termos de base genética.

A seleção combinada, para ser realmente superior à seleção entre e dentro, deveria proporcionar ganhos genéticos esperados superiores, mantendo, ou mesmo elevando, o número de famílias a serem recombinadas.

O número de progênes comuns contempladas pela seleção entre e dentro e pela seleção combinada foi alto (Tabela 8), uma vez que a menor concordância foi de aproximadamente 77% (47 em 61 possíveis, para ALT, no local 4) e a maior concordância foi de aproximadamente 97 % (60 em 62 possíveis, para CAP, no local 1).

Tabela 7 – Estimativas de herdabilidades entre e dentro e pesos para indivíduos e para famílias, estabelecidos de acordo com o índice de seleção combinada, para CAP e ALT, nos seis locais de experimentação.

Table 7 – *Estimates of heritability between and within families, weighted for individuals and families, using the combined selection index for CAP and ALT, in six experiment sites.*

Local	Característica	h_d^2	h_m^2	PI	PF/PI
1	CAP	0,29	0,69	1,0	1,9
1	ALT	0,31	0,69	1,0	1,7
2	CAP	0,27	0,71	1,0	2,1
2	ALT	0,31	0,69	1,0	1,8
3	CAP	0,21	0,62	1,0	2,4
3	ALT	0,24	0,61	1,0	2,1
4	CAP	0,12	0,46	1,0	3,4
4	ALT	0,12	0,42	1,0	3,1
5	CAP	0,28	0,67	1,0	2,3
5	ALT	0,30	0,65	1,0	2,1
6	CAP	0,27	0,62	1,0	2,0
6	ALT	0,26	0,56	1,0	2,1

h_d^2 e h_m^2 = herdabilidades dentro de famílias e entre médias de famílias, respectivamente; PI e PF= pesos para indivíduos e famílias, respectivamente.

Tabela 8 – Número de progênies selecionadas em comum na seleção entre e dentro de famílias e na seleção combinada, nos seis locais de experimentação.

Table 8 – *Number of progenies selected in common between and within family selection and in the combined selection in six experiment sites.*

Local	Variável	Número de progênies comuns	Número de progênies não comuns contempladas na		Número total de progênies	
			Seleção entre	Seleção combinada	Seleção entre	Seleção combinada
1	CAP	60	02	40	62	100
1	ALT	58	04	29	62	87
2	CAP	56	04	35	60	91
2	ALT	53	07	33	60	86
3	CAP	52	09	35	61	87
3	ALT	47	14	46	61	93
4	CAP	55	04	07	59	62
4	ALT	47	12	12	59	59
5	CAP	55	07	36	62	91
5	ALT	52	10	28	62	80
6	CAP	56	05	32	61	88
6	ALT	49	12	29	61	78

A seleção combinada foi também eficiente no que diz respeito ao número de famílias selecionadas, quando comparada com a seleção entre e dentro para ambas as variáveis, nos diversos locais de experimentação. Isso porque a mesma aumentou em muito o número de famílias a serem recombinadas, à exceção do local 2, onde o número de famílias foi aproximadamente igual àquele da seleção entre e dentro, para ambas as variáveis consideradas.

Provavelmente, a maior eficiência da seleção combinada seja devido exatamente, ao fato de incluir maior número de famílias para futuras recombinações, maximizando o ganho genético esperado. Assim, a seleção combinada cumpriu o papel de incluir indivíduos superiores de famílias intermediárias e indivíduos intermediários de famílias superiores, podendo-se,

portanto, afirmar que a mesma foi superior à seleção entre e dentro nas populações de *Eucalyptus grandis* em estudo.

4 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.

A seleção combinada estabeleceu um maior número de famílias para futuras recombinações, em relação à seleção entre e dentro.

A seleção combinada mostrou-se mais eficiente como ferramenta de seleção nas progênies de *Eucalyptus grandis* em estudo quando comparada com a seleção entre e dentro.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390 p.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de M. A. Silva e J. C. Silva. Viçosa: UFV, 1981. 279 p.
- LUSH, J. L. **Melhoramento dos animais domésticos**. Rio de Janeiro: CEDEGRA, 1964. 566 p.
- PAULA, R. C. de. **Avaliação de diferentes critérios de seleção aplicados em melhoramento florestal**. 1997. 74 f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1997.
- PIRES, I. E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de Eucalyptus spp.** 1996. 116 f. Tese (Doutorado em Genética e melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1996.
- SILVA, M. de A. **Melhoramento animal: métodos de seleção**. Viçosa: UFV, 1982. 51 p.