

CRITÉRIOS DE SELEÇÃO UNI E MULTIVARIADOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA *Virola surinamensis* Warb

Jorge Mitiyo Maêda¹

Ismael Eleotério Pires²

Rita de Cássia Gonçalves Borges³

Cosme Damião Cruz⁴

RESUMO

Em um teste de progênes de 41 famílias de meios-irmãos de *Virola surinamensis* Warb, aos 60 meses de idade, avaliou-se a aplicação de diferentes critérios de seleção, para fins de melhoramento genético: a seleção direta, o índice de seleção combinada proposto por Pires (1996), o índice clássico de Smith e Hazel e o índice com base nos ganhos desejados de Pesek e Baker. O índice de seleção combinado foi o critério que apresentou os maiores ganhos, que se situaram entre 152% e 36%. Esses resultados indicam-no como o critério mais adequado para o melhoramento genético na população avaliada.

Palavras-chaves: *Virola surinamensis*, melhoramento genético, critérios de seleção

ABSTRACT

UNI AND MULTIVARIATE SELECTIONS CRITERIA APPLIED TO GENETIC IMPROVEMENT OF *Virola surinamensis* Warb

Progeny test of *Virola surinamensis* Warb. with 41 half-sib families at the 60 months of age, were evaluated applying different selections criteria, toward genetic improvement: the conventional selection. Combined selection index proposed by PIRES (1996), classic index of Smith and Hazel and the index of desired gains of Pesek and Baker were applied. The combined selection index was the criteria that showed the highest gains ranging between 152% and 36%. Those results are in agreement with most suitable selection criteria for genetic improvement in a virola population.

Key words: *Virola surinamensis*, genetic improvement, selections criteria

INTRODUÇÃO

Contrapondo a toda evolução da silvicultura nacional alcançado nas últimas décadas com espécies de *Eucalyptus* e *Pinus*, o baixo volume de trabalhos

científicos relacionados às espécies florestais nativas de importância econômica e/ou ecológica, notadamente aqueles que versem sobre a genética e produtividade, vem-se constituindo em desafio para implantação efetiva de populações de

¹ DS, IF, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro

^{2 e 3} DEF, Universidade Federal de Viçosa

⁴ DBG, Universidade Federal de Viçosa

essências florestais nativas.

Dentre as espécies florestais da região amazônica, de importância econômica e ecológica, a virola (*Virola surinamensis* Warb.) destaca-se como uma das mais significativas. Em razão da sua ocorrência natural em áreas sujeitas a inundações é facilmente explorada, e haja vista as suas excelentes propriedades da madeira, conferem-na uma excelente perspectiva do múltiplo uso (LORENZI, 1992; CORRÊA, 1978 e RODRIGUES, 1972).

O modelo da silvicultura econômica praticada no Brasil, e que se propõe para as espécies nativas, requer adoção de métodos silviculturais otimizados, envolvendo as manipulações de melhoramento, via modelos genéticos, que, segundo ZOBEL e TALBERT (1984), centra-se na identificação e na quantificação de variabilidades de características de interesse. Por este princípio, o melhoramento genético, é praticado corriqueiramente por meio da seleção recorrente, com tendência à utilização de técnicas multivariadas como critério de seleção, face à natureza quantitativa das características silviculturais.

Os testes de progênies são utilizados comumente para se estabelecer valores genéticos de matrizes; bem como são fundamentais para o melhoramento de gerações avançadas, uma vez que as progênies das melhores árvores formam a população base para o melhoramento da próxima geração. Além do mais, a classificação de matrizes pelas performances das suas progênies é especialmente importante para as características de baixas herdabilidades (ROUTSALAINEN & LINDGREEN, 1998). Além do que, os testes de progênies com famílias de polinização livre, dado ao seu baixo custo e informações recebidas, podem ser transformados em pomares de sementes por mudas (KITZMILLER, 1983).

A seleção direta é a maneira mais fácil e prática de obter ganhos para uma única característica, sendo a resposta à seleção direta a modificação na média original de uma característica da população, em consequência da seleção praticada na própria característica (PAULA, 1997). Portanto, numa

seleção, quanto maior a pressão de seleção, maior será esse diferencial e, conseqüentemente, o progresso genético (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987). Uma alternativa à seleção direta na característica são os índices de seleção combinada que constituem modalidades de seleção que visam priorizar o mérito individual, em complemento ao valor de suas respectivas famílias, que resulta na obtenção de índice para cada indivíduo, para uma determinada característica de interesse, resultante de uma combinação ótima do valor genético de cada progênie e de cada um dos indivíduos que a compõe (PIRES, 1996). No entanto, a seleção baseada em apenas uma ou em poucas características é ineficaz, sendo importante avaliar e interpretar simultaneamente o máximo possível de características envolvidas no sistema produtivo. Nesse caso, a opção mais viável é a aplicação da análise multivariada, que permite combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, de modo que a seleção seja baseada em um complexo de variáveis importantes e discriminantes dos materiais mais promissores.

Dentre as técnicas de análise multivariada, os diversos índices de seleção vêm apresentando certa superioridade para discriminar genótipos superiores. XAVIER (1996) cita que, atualmente tem-se verificado a tendência de se utilizar o método “índice de seleção” nos programas de melhoramento mais avançados, que, conforme COTTERILL & DEAN (1990) e ALLEN (1992), constitui-se num caráter adicional, estabelecido pela combinação ótima de vários caracteres, que permite efetuar, com eficiência, a seleção simultânea de caracteres múltiplos. No entanto, os parâmetros de ordem subjetiva estabelecidos pelos melhoristas, como peso econômico das características, a intensidade de seleção a ser aplicada e os ganhos desejados por características, resultam, em alguns casos, em questionamento quanto à eficácia desses índices.

Diante do exposto, este trabalho visou estimar os ganhos genéticos em uma população estruturada em progênies de meios-irmãos de virola, baseados em diferentes critérios univariados e

multivariados de seleção, sobre as características passíveis de melhoramento genético.

MATERIAL E MÉTODOS

Neste trabalho foi utilizado um teste de progênies de *Virola surinamensis* Warb., instalado em janeiro de 1992, em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições e oito plantas úteis por parcela em fileira, em Breves - PA, de propriedade da Eidai do Brasil Madeiras S.A., formado por 41 famílias de meios-irmãos.

Na idade de 60 meses, foram avaliadas as características altura total de plantas (HT), diâmetro à altura do peito (DAP), volume cilíndrico do tronco com casca (VOL), comprimento de copa (CC), largura de copa (LC), o número médio de ramos nos três primeiros verticilos (RV), diâmetro médio de ramos nos três primeiros verticilos (DR), distância média entre os três primeiros verticilos (DEV), ângulo médio de abertura de ramos nos três primeiros verticilos (AR), e desrama natural (DN).

As análises estatísticas das características em nível de plantas, foram efetuadas através do Programa Genes (CRUZ, 1997), e o modelo matemático adotado foi o baseado em CRUZ & REGAZZI (1994) e STEEL & TORRIE (1980), considerando todos os efeitos, com exceção da média, aleatórios.

Foram adotados como critérios de seleção a seleção direta entre e dentro de famílias, o índice de seleção combinada proposto por PIRES (1996), o índice clássico de Shimith e Hazel e o índice de ganhos desejados de Pesek e Baker, nas intensidades de 24,4% entre famílias e de 25,0% dentro de famílias, resultando na seleção total de 6,1%, considerando-se a recombinação somente entre os indivíduos selecionados, no sentido favorável à média original das características trabalhadas.

Seleção direta entre e dentro de progênies

$$GS_e = h^2_m . DS_e \quad e \quad GS_e \% = 100 . \frac{GS_e}{\bar{X}_o};$$

$$GS_d = h^2_d . DS_d \quad e \quad GS_d \% = 100 . \frac{GS_d}{\bar{X}_o};$$

$$GS_t = GS_e + GS_d \quad e \quad GS_t \% = 100 . \frac{GS_t}{\bar{X}_o};$$

onde:

GS_e , GS_d e GS_t são, respectivamente, os ganhos entre famílias, dentro de famílias e totais;

h^2_m e h^2_d são os coeficientes de herdabilidade em nível de médias de famílias e em nível de plantas dentro de famílias, respectivamente;

DS_e e DS_d são, respectivamente, os diferenciais de seleção com base nas médias de famílias e de seleção dentro médio.

Índice de seleção combinada

O índice de seleção combinada, proposto por PIRES (1996), é expresso por

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

em que

I_{ijk} = índice estimador do valor genético da k-ésima planta, da i-ésima família, na j-ésima repetição;

Y_{ijk} = valor fenotípico do indivíduo ijk;

$\bar{Y}_{ij.}$ = média da parcela do indivíduo ijk;

$\bar{Y}_{i.}$ = média da família i;

$\bar{Y}_{.j.}$ = média do bloco j;

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

c_1 e c_2 = pesos obtidos de modo a maximizar a correlação entre o índice (I) e o verdadeiro valor genético (H) dos indivíduos.

E a resposta à seleção combinada para o índice I é obtida pela expressão:

$$RS_I = DS_I \text{ e } RS(\%) = \frac{RS}{\bar{Y}} \times 100$$

onde

RS_I e $RS(\%)$ = resposta à seleção com base no índice de seleção combinada, em valor absoluto e percentual, proporcionalmente;

DS_I = diferencial de seleção relativo ao índice ;

\bar{Y} = média geral da característica na população.

Seleção simultânea de múltiplas características

Índice clássico proposto por SMITH (1936) e HAZEL (1943)

$$I_{ijk} = \sum_{i=1}^n b_{1i} \bar{Y}_{i..} + \sum_{i=1}^n b_{2i} (Y_{ijkl} - \bar{Y}_{ij..})$$

em que:

I_{ijk} = índice referente ao indivíduo i j k;

$b_{11}, b_{12} \dots b_{1n}$ = pesos fenotípicos referentes às características 1, 2, ... n, em nível de média de família;

$b_{21}, b_{22} \dots b_{2n}$ = pesos para os desvios do valor fenotípico do indivíduo em relação à média da parcela, referentes às características 1, 2 ... n;

A resposta nos valores originais das características, quando a seleção é praticada nos índices, então é dada pela expressão:

$$G_{\sim I(I)} = \hat{G}_1 \hat{b}_1 \frac{DS_{I(I1)}}{\hat{\sigma}_{I1}^2} + \hat{G}_2 \hat{b}_2 \frac{DS_{I(I2)}}{\hat{\sigma}_{I2}^2}$$

onde:

$G_{\sim I(I)}$ = resposta esperada na característica I, quando a seleção é praticada entre e dentro no índice;

$DS_{I(I1)}$ e $DS_{I(I2)}$ = diferenciais de seleção observados nos índices I_1 e I_2 , resultantes da seleção entre e dentro de progênes, e

$\hat{\sigma}_{I1}^2$ e $\hat{\sigma}_{I2}^2$ = estimadores das variâncias dos índices I_1 e I_2 , respectivamente.

Os pesos econômicos para as diferentes características sob avaliação foram os valores dos coeficientes de variação genético entre progênes das características (CVge); a estimativa do coeficiente de herdabilidade de cada característica, em nível de média de progênes (h^2m); estimativa do desvio padrão genético, de cada característica ($\hat{\sigma}_g$) e a estimativa da correlação genética entre o VOL e as demais características. Esses pesos constituíram os Índices de Seleção ISH_1 ; ISH_2 ; ISH_3 e ISH_4 , respectivamente.

Índice com base nos ganhos desejados (PESEK & BAKER, 1969)

$$I_{PBi} = b_1 x_1 + b_2 x_2 + \dots + b_n x_n = \sum_{i=1}^n b_i x_i = b'x$$

em que

b' = vetor de dimensão 1xn dos coeficientes de ponderação.

x = vetor de dimensão nx1 de médias dos caracteres da família i.

A expressão do ganho esperado para as várias características, para a seleção entre e dentro de progênes, é dada por:

$$G_{\sim I(I)} = \hat{G}_1 \hat{b}_1 \frac{DS_{I(I1)}}{\hat{\sigma}_{I1}^2} + \hat{G}_2 \hat{b}_2 \frac{DS_{I(I2)}}{\hat{\sigma}_{I2}^2}$$

Neste trabalho, foram utilizados como ganhos desejados, para cada característica, seus respectivos desvios-padrão genéticos, e os ganhos de seleção foram calculados, em primeira instância, considerando o volume do cilindro como característica principal; em segunda instância, tomando-se o volume do cilindro, o DAP e a altura

de plantas como características principais e, finalmente, todas as características como principais.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1 são apresentados os resultados das análises de variância das características que apresentaram diferenças significativas entre famílias, pelo teste F, no nível de 1% de probabilidade. As características número médio de ramos nos três primeiros verticilos inferiores (RV), diâmetro médio de ramos nos três primeiros

verticilos inferiores (DR), ângulo médio de abertura de ramos nos três primeiros verticilos inferiores (AR) e desrama natural (DN) não apresentaram significância pelo teste F e, por isso, foram excluídas dos procedimentos subsequentes.

Os valores dos coeficientes de variação experimentais (CVexp) obtidos, segundo os padrões apresentados por Garcia (1989), situam-se medianos para todas as características avaliadas. Considerando-se a origem do material experimental, esses valores indicam boa precisão experimental, que se traduz em confiabilidade nos resultados apresentados.

Tabela 1. Resultados da análise de variância para volume do tronco (VOL), altura total de árvores (HT), diâmetro à altura do peito (DAP), comprimento da copa (CC), largura da copa (LC), distância média entre três primeiros verticilos inferiores (DEV); os valores de médias das características; herdabilidades, em nível de médias de famílias (h_m^2) e dentro de famílias (h_d^2) e coeficientes de variação experimentais (CVexp), em progênies de meios-irmãos de *V. surinamensis*, aos 60 meses de idade.

Fonte de Variação	G.L.	Quadrado Médio			
		VOL (m ³)	HT (m)	DAP (cm)	CC (m)
Blocos	2	0,0006	4,2466	7,0431	5,0804
Famílias	40	0,0010**	10,7181**	23,3694**	7,0065*
Entre	80	0,0002	1,9313	4,2017	1,7655
Dentro	861	0,0001	1,2173	2,8852	0,7506
Média		0,0088	4,56	6,30	3,05
h_m^2		0,8236	0,8198	0,8202	0,7480
h_d^2		0,7718	0,9023	0,8304	0,8729
CV _{exp} (%)		26,78	10,77	11,50	15,40

** Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F; h_m^2 = herdabilidade, em nível de médias de famílias; h_d^2 = herdabilidade, em nível dentro de famílias; CV_{exp}= coeficiente de variação experimental.

Em se tratando de grandeza absoluta, o maior valor de CV_{exp} foi observado no volume do tronco, seguindo a tendência de comportamento verificada nos experimentos florestais, que segundo PATIÑO-VALERA (1986) e PIRES (1996), decorre do fato do volume ser característica derivada do produto entre a altura e o diâmetro da árvore.

De maneira geral, os valores dos h^2 , em todos os níveis e os CV_{exp}, situaram-se bem acima dos citados por diversos autores, dentre eles, KAGEYAMA (1980), PIRES (1996), PAULA (1997) e MARTINS (1999); o que reforça o potencial da população para melhoramento genético, por seleção.

Os valores das estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de médias de famílias (h_m^2), variaram de 0,82 a 0,63, indicando que a seleção entre famílias é uma estratégia de melhoramento viável para essa população (FARIAS NETO & CASTRO, 1998). Por sua vez, os valores das estimativas de herdabilidade dentro de famílias (h_a^2), à exceção de DEV, LC e VOL, situaram-se acima dos valores para as estimativas de h_m^2 .

Portanto, a seleção combinando entre e dentro de famílias deverá otimizar os ganhos genéticos.

As expectativas de ganhos genéticos obtidas, independente do critério de seleção empregado, foram sempre maiores para o VOL, quando comparado às outras características. Também, verificou-se que essas estimativas tendem a seguir os valores de coeficientes de variação entre e dentro famílias, bem como às estimativas dos coeficientes de herdabilidade (Tabela 2).

As expectativas de progressos genéticos advindos do índice de seleção combinada (ISC) foram muito superiores aos resultados dos índices de seleção simultânea de características e ligeiramente superiores aos da seleção entre e dentro convencional. Esses resultados concordam com a hipótese de PIRES (1996) de que a resposta ao ISC, no mínimo, equivale à seleção massal; ressalvando-se que a literatura disponível evidencia a eficiência do ISC especialmente para casos em que há baixas variabilidades e baixos coeficientes de herdabilidade entre progênes, que não foi o caso do presente trabalho.

Tabela 2. Respostas esperadas à seleção (RS%) resultantes dos três critérios de seleção, para cada característica estudada, em progênes de meios-irmãos de *V. surinamensis* aos 60 meses de idade.

Característica	Critério de seleção					
	SD	ISC	ISH ₁	ISH ₂	ISH ₃	ISH ₄
VOL	125,55	152,35	86,87	86,90	85,65	86,9
HT	36,05	46,06	35,34	35,32	34,33	35,3
DAP	41,50	52,05	37,74	37,73	36,69	37,7
CC	42,57	53,02	41,29	41,28	40,33	41,2
LC	29,35	36,65	28,64	28,59	27,28	28,5
DEV	30,19	38,07	26,87	27,64	28,91	27,0

VOL = volume do tronco, HT= altura total de árvores, DAP=diâmetro à altura do peito,CC= comprimento da copa, LC=largura da copa, DEV=distância média entre três primeiros verticilos inferiores, SD=seleção direta, ISC=índice de seleção combinada, ISH= Índice clássico de Smith e Hazel, IPB= Índice de Pesek e Baker.

Os resultados referentes aos diferentes índices clássico (IPB), foram muito semelhantes entre si, com predição de ganhos para VOL entre e dentro de famílias, em torno de 86%. Esses resultados decorreram do fato dos diferentes pesos econômicos utilizados na construção dos diferentes índices quase sempre identificarem as mesmas famílias e os mesmos indivíduos dentro dessas famílias, resultando, então, em estimativas de ganhos muito próximas, nas características originais. Fato idêntico ocorreu quando PAULA (1997) aplicou diferentes critérios de construção para aplicação em uma população de eucalipto.

Dentre os diferentes índices clássicos (ISH), o de melhor resultado foi o construído a partir do coeficiente de variação genética. CRUZ (1990) também observou essa superioridade do índice clássico na seleção de uma população de milho. Por sua vez, os resultados de expectativa de ganhos obtidos pelo índice de ganho desejado de Pesek e Baker (IPB) indicaram que, quando somente as características diretamente envolvidas na produção (VOL, HT e DAP) são consideradas principais, a expectativa de ganho revela-se a maior dentre todos os índices. Esse resultado, quando comparados aos obtidos por CRUZ (1990); CASTOLDI (1997); PAULA (1997) e ALLEN (1992), revelaram-se discordantes, uma vez que esses autores sempre evidenciaram a superioridade do índice clássico na obtenção de ganhos genéticos.

Comparando-se os resultados dos índices de seleção (ISH e IPB) aos obtidos pela seleção direta, verifica-se que a seleção direta é o critério que propiciou os melhores ganhos, que podem ser atribuídos às altas variações genéticas dentro de famílias, decorrente provavelmente da juvenildade do material utilizado. Portanto, em idades mais avançadas, em que o CVg já deve ter-se reduzido, espera-se que esses índices apresentem superioridade em discriminar melhores genótipos.

Dos critérios de seleção entre progênies, o índice clássico foi o que apresentou os menores ganhos globais nas características. Tal fato discorda, dos resultados obtidos por alguns autores (PAULA,

1997; CASTOLDI, 1997; ALLEN, 1992; CRUZ, 1990), em que sempre o índice clássico apresentou ligeiras superioridades em relação à seleção direta e ao índice de ganho desejado.

No caso do índice de ganho desejado de Pesek e Baker, quando foi fixado o ganho desejado em uma unidade de desvio-padrão genético, a melhor resposta foi obtida quando se considerou apenas o VOL como característica principal, indicando, assim, que a inclusão das demais características não representa nenhuma vantagem para o índice.

CONCLUSÃO

O índice de seleção combinada proposto pro PIRES (1996) é o critério de seleção que apresenta os melhores resultados em termos de ganhos no volume de madeira e na distribuição de ganhos nas demais características, possibilitando, nesse momento, ser indicado como o critério mais apropriado para o melhoramento genético na população estudada. Os critérios de seleção multivariados apresentam possibilidades de aplicações futuras, em gerações avançadas de melhoramento. Isto aumenta a possibilidade de produtividade econômica para a indústria, com conseqüente diminuição de exploração em áreas naturais e redução nos danos ambientais.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Ensino Superior (CAPES), pela concessão de bolsa de estudos e à Eidai do Brasil Madeiras S.A., pela condução da experimentação e aporte financeiro.

LITERATURA CITADA

ALLEN, P.J. Selection indices for the genetic improvement of caribbean pine to increase sawn

- timber production. *Aust. For.*, n.55, p.90-95, 1992.
- CASTOLDI, F.L. *Comparação de métodos multivariados aplicados na seleção em milho*. Viçosa: UFV, 1997. 118p. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético) - Universidade Federal de Viçosa, 1997.
- CORRÊA, M.P. *Dicionário das plantas úteis do Brasil e das exóticas cultivadas*. Rio de Janeiro: Imprensa Nacional, 1978. v.6, p.330-331.
- COTTERILL, P.P., DEAN, C.A. *Successful Tree Breeding With Index Selection*. Australia: CSIRO, Division of Forestry and Forest Products, 1990. 80p.
- CRUZ, C.D. *Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas*. Piracicaba: ESALQ/USP, 1990. 188p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1990.
- CRUZ, C.D. *Programa GENES - Aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa, MG: Editora UFV, 1997. 442p.
- CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1994. 390p.
- DEAN, C.A., COTTERILL, P.P., CAMERON, J.N. Genetic parameters and gains expected from multiple trait selection of radiata pine in Eastern Victoria. Melbourne: *Australian Forest Research*, v.13, p.217 - 278, 1983.
- FARIAS NETO, J.T., CASTRO, A.W.V. Variabilidade genética em famílias de meios-irmãos de taxi-branco. *Revista Árvore*, v.22, n.3, p.389-94, 1998.
- FARIAS NETO, J.T., CASTRO, A.W.V., MOCHIUTTI, S. Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético do taxi-branco (*Sclerolobium paniculatum* Vogel). *Acta Amazonica*, Belém, v.28, n.2, p.147-52, 1998.
- GARCIA, C.H. *Tabelas para classificação do coeficiente de variação*. Piracicaba: IPEF, 1989. n.171, 11p. (circular Técnica).
- HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, p.476-90, 1943.
- KAGEYAMA, P.Y. *Variação genética em progênies de uma população de Eucalyptus grandis Hill ex. Maiden*. Piracicaba: ESALQ, 1980. 125p. Tese (Doutorado em Genética) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz,
- KITZMILLER, J.H. Progeny testing - objectives and design. In: SERVICEWIDE GENETIC WORKSHOP, 1983, Charleston. *Proceedings...* Charleston: South Carolina, 1983. p.231-247.
- LORENZI, H. *Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil*. Nova Odessa: Editora Plantarum, 1992. p.248.
- MARTINS, I.S. *Comparação entre métodos uni e multivariados aplicados na seleção em Eucalyptus grandis*. Viçosa. UFV, 1999. 94p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1999.
- PATERNIANI, E., MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. (Coord.). *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, p.217-274.
- PATINHO-VALERA, F. *Variação genética em progênies de Eucalyptus saligna Smith e sua interação com o espaçamento*. Piracicaba: ESALQ, 1986. 191p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) - Escola Superior de

Agricultura “Luiz de Queiroz”, 1986.

PAULA, R.C. *Avaliação de diferentes critérios de seleção aplicados em melhoramento florestal*. Viçosa: UFV, 1997. 74p. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) - Universidade Federal de Viçosa, 1997.

PESEK, J., BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selected indices. *Can. J. Plant Sci.*, v.49, p.803-804, 1969.

PIRES, I.E. *Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de Eucalyptus spp.* Viçosa: UFV, 1996. 116p. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.

RODRIGUES, W.A. A ucuuba de várzea e suas aplicações. *Acta Amazonica*, v.2, n.2, p.29-47, 1972.

ROUTSALAINEN, S., LINDGREEN, D. Predicting genetic gain of backward and forward selection in forest tree breeding. *Silvae Genetica*, v.47, n.1, p.42- 50, 1998.

SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. *Ann. Eugen.*, v.7, p.240-50, 1936.

STEEL, R.D.G., TORRIE, J.H. *Principles and procedures of statistics: a biometrical approach*. New York: McGraw-Hill Book Company, 1980. 633p.

XAVIER, A. *Aplicação da análise multivariada da divergência genética no melhoramento de Eucalyptus spp.* Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1996. 126p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.

ZOBEL, B., TALBERT, J. *Applied forest tree improvement*. New York: John Wiley & Sons, 1984