

**Seleção Simultânea de
Caracteres por Indivíduo
no Melhoramento de
*Pinus tecunumanii***



*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Cerrados
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 190

Seleção Simultânea de Caracteres por Indivíduo no Melhoramento de *Pinus tecunumanii*

*Sebastião Pires de Moraes Neto
Luciana Rodrigues Marques
Jackson Louzeiro de Souza*

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Cerrados

BR 020, Km 18, Rod. Brasília/Fortaleza

Caixa Postal 08223

CEP 73310-970 Planaltina, DF

Fone: (61) 3388-9898

Fax: (61) 3388-9879

<http://www.cpac.embrapa.br>

sac@cpac.embrapa.br

Comitê de Publicações da Unidade

Presidente: *José de Ribamar N. dos Anjos*

Secretário-Executivo: *Maria Edilva Nogueira*

Supervisão editorial: *Fernanda Vidigal Cabral de Miranda*

Revisão de texto: *Fernanda Vidigal Cabral de Miranda*

Normalização bibliográfica: *Marilaine Schaun Pelufê*

Editoração eletrônica: *Leila Sandra Gomes Alencar*

Capa: *Leila Sandra Gomes Alencar*

Foto(s) da capa: *Sebastião Pires de Moraes Neto*

Impressão e acabamento: *Divino Batista de Souza*

Jaime Arbués Carneiro

Impresso no Serviço Gráfico da Embrapa Cerrados

1ª edição

1ª impressão (2007): tiragem 100 exemplares

Todos os direitos reservados

A reprodução não-autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei no 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Embrapa Cerrados

M827s Moraes Neto, Sebastião Pires.

Seleção simultânea de caracteres por indivíduo no melhoramento de *Pinus tecunumanii* / Sebastião Pires de Moraes Neto, Luciana Rodrigues Marques, Jackson Louzeiro de Souza. – Planaltina, DF : Embrapa Cerrados, 2007.

19 p. — (Boletim de pesquisa e desenvolvimento / Embrapa Cerrados, ISSN 1676-918X ; 190)

1. Pinheiro. 2. Melhoramento genético vegetal. I. Marques, Luciana Rodrigues. II. Souza, Jackson Louzeiro de. III. Título. IV. Série.

634.97 - CDD 21

© Embrapa 2007

Sumário

Resumo	5
Abstract	6
Introdução	7
Material e Métodos	7
Resultados e Discussão	12
Conclusões	17
Referências	17

Seleção Simultânea de Caracteres por Indivíduo no Melhoramento de *Pinus tecunumanii*

*Sebastião Pires de Moraes Neto*¹

*Luciana Rodrigues Marques*²

*Jackson Louzeiro de Souza*³

Resumo

Pinus tecunumanii Eguiluz e J.P. Perry é uma espécie nativa das partes elevadas do sul do México e da América Central. Apesar do seu excelente crescimento e da qualidade da madeira, é pouco plantado comercialmente. O objetivo deste trabalho foi comparar métodos de seleção de progênies de meios irmãos, utilizando a seleção simultânea de três caracteres (forma do tronco, diâmetro do galho e volume) em nível de indivíduo, como subsídio para estabelecimento de pomar de sementes. Os métodos testados dividiram-se em três blocos. Bloco A - seleção simultânea de caracteres entre progênies e dentro deles: usando o índice multiplicativo (método 1), usando a soma de ranks com valores normalizados (método 2), usando a soma de *ranks* tendo como peso o coeficiente de variação genética (CV_g) de cada caráter (método 3). Bloco B – seleção direta: sobre o caráter volume (método 4), sobre o índice multiefeito (IME) do caráter volume (método 5). Bloco C - seleção simultânea de caracteres abrangendo todos os indivíduos do povoamento: utilizando o IME de cada caráter como fator do índice multiplicativo (método 6), utilizando os valores reais de cada caráter como fator do índice multiplicativo (método 7), utilizando a soma de *ranks* com valores normalizados (método 8) e a soma de *ranks* tendo como peso o CV_g de cada caráter (método 9). Entre os métodos testados, destacaram-se positivamente dois do grupo da seleção simultânea de caracteres entre e dentro delas (métodos 2 e 3).

Termos para indexação: pomar de semente, índice multiefeito, índice multiplicativo, índice soma de *ranks*.

¹ Eng. Flor., D.Sc., Pesquisador da Embrapa Cerrados, spmoraesn@cpac.embrapa.br

² Biól., lucykka@bol.com.br

³ Biól.

Simultaneous Selection of Traits by Individual in *Pinus tecunumanii* Improvement

Abstract

Pinus tecunumanii Eguiluz e J.P. Perry is a native species of the high lands of the southern Mexico and Central America. Despite its excellent growth and wood quality it is few planted commercially. The objective of this work was compare selection methods for half sib progenies, using simultaneous selection of three traits (stem form, branch diameter and volume) at individual level, as subsidy to the establishment of seed orchard. The tested methods were shared in three blocks: (a) among and within progenies simultaneous selection of traits: using multiplicative and rank additions indexes; (b) direct selection: on the real values and the multieffect index (IME) of volume trait, and (c) simultaneous selection of traits for all individuals of stand: using the multiplicative and rank additions indexes. Among the tested methods detached positively two of the block (a).

Index terms: seed orchard, multieffect index, multiplicative index, rank additions index.

Introdução

Pinus tecunumanii é uma espécie nativa das partes elevadas das terras do sul do México e da América Central. O desenvolvimento do *P. tecunumanii* tem sido superior ao do *Pinus caribaea* var. *hondurensis* e do *Pinus oocarpa* na maioria dos ensaios realizados no Cerrado. Ademais, tem uma excelente forma, ramos finos e uma boa desrama natural (MOURA; VALE, 2002). Essa espécie é utilizada em arborização, parques e jardins, celulose, construções, laminação, particulados (aglomerado, OSB, “waferboard”) e lápis (MARTO et al., 2006). Por sua vez, para se obter madeira em qualidade e quantidade superiores, é necessário um plano de manejo e de melhoramento florestal, sendo que, nesse último, os métodos de seleção são de grande importância.

Entre os métodos de seleção utilizados no setor florestal, pode-se citar a seleção entre progênies e dentro delas (seleção truncada) (CORNACCHIA et al., 1995) e a seleção combinada (pondera dados da progênie e do indivíduo dentro da parcela) (PIRES et al. 1996; MOURA et al. 1998). Uma das formas de seleção combinada é o índice multiefeito proposto por Resende e Higa (1994), o qual pondera, além dos dois citados anteriormente, dados das parcelas e das repetições e é utilizado também para se calcularem ganhos genéticos (ROMANELLI; SEBBENN, 2004). Contudo, em geral, esses métodos utilizam somente uma característica: volume, biomassa ou diâmetro à altura do peito, especialmente. Outro método utilizado é a seleção simultânea de caracteres, que utiliza algumas características das árvores de forma combinada, ou seja, tenta fazer a seleção de árvores com atributos superiores de cada característica, o que, em geral, é feito baseado nas médias das melhores progênies (VALENCIA-MANZO; VARGAS-HERNÁNDEZ, 2001; MISSIO et al., 2004, FERREIRA et al., 2005) e não de forma individual. Portanto, este estudo tem como objetivo testar vários métodos de seleção, propondo a utilização da seleção simultânea de caracteres em âmbito de indivíduo.

Material e Métodos

Um ensaio com 45 progênies centro-americanas de polinização aberta de *Pinus tecunumanii* foi estabelecido em Planaltina, Distrito Federal, em dezembro de 1984, em área de Cerrado, com latitude de 15° 35' Sul,

longitude 47° 42' Oeste, altitude de 1.100 m e com precipitação pluviométrica média de 1.500 mm/ano, com pronunciada estação seca de quase seis meses de duração. O solo é laterítico (oxisol), profundo, altamente lixiviado e de baixa fertilidade (Tabela 1).

Tabela 1. Características químicas e texturais do solo.

pH em água	P mg kg ⁻¹	K	Ca	Mg cmol _c dm ⁻³	Al	H+Al	argila	silte	areia
								%	
4,6	0,1	0,10	0,14	0,07	0,40	6,20	50	16	34

O experimento seguiu um delineamento experimental de blocos ao acaso, com nove repetições ou blocos completos, compostas por parcelas lineares de seis indivíduos por progênie. O espaçamento utilizado foi 3 m x 3 m. Uma bordadura dupla com plantas de *Pinus oocarpa* foi colocada ao redor da área experimental.

As árvores do ensaio foram avaliadas aos 20 anos de idade para: sobrevivência, altura, circunferência à altura do peito (CAP), forma do caule, volume e diâmetro do galho. A forma do caule foi classificada em quatro níveis (1 = árvore torta a 4 = árvore reta) e o diâmetro do galho, em três níveis (1 = galho grosso a 3 = galho fino). Quando necessário, os valores foram fracionados no intervalo de 1 a 4 para o primeiro e de 1 a 3 para o segundo. O volume foi calculado como se fosse um cilindro, ou seja:

$$\text{volume (m}^3\text{)} = \delta \cdot (\text{raio})^2 \cdot \text{altura} \quad \Delta \text{ raio} = \frac{\text{CAP}}{2\pi}, \text{ em que CAP} = \text{circunferência à altura do peito (m)}$$

Na ocasião do plantio (adubação na cova) e 90 dias após (adubação de cobertura), as mudas foram fertilizadas com uma mistura de 100 g de superfosfato simples, 40 g de KCl, 3 g de borax e 2 g de ZnSO₄. Cinquenta por cento dessa mistura foi usada em cada aplicação. O modelo estatístico usado foi:

$$Y_{ijk} = \mu + t_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk}$$

em que: Y_{ijk} = valor do k -ésimo indivíduo, do j -ésimo bloco, da i -ésima progênie; μ = média geral; t_i = efeito da i -ésima progênie ($i = 1, 2, \dots, I$); b_j = efeito do j -ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, J$); e_{ij} = efeito da interação entre a i -ésima progênie do j -ésimo bloco; d_{ijk} = efeito da k -ésima árvore dentro da ij -ésima parcela.

As análises de variância e correlação linear de Pearson foram feitas com auxílio do programa SAS ([SAS INSTITUTE, 2003](#)), utilizando o procedimento VARCOMP, na opção REML (máxima verossimilhança restrita) e CORR, respectivamente. Das análises de variância, foram estimados os componentes: σ_g^2 = variância genética entre progênies; σ_b^2 = variância entre blocos; σ_e^2 = variância entre parcelas; σ_d^2 = variância dentro de parcelas.

O coeficiente de correlação genético aditivo entre plantas dentro de progênies (r) foi assumido como sendo de 0,33 em vez de 0,25, já que um grau de autopolinização (cerca de 15 %) é passível de ocorrer em populações relativamente pequenas de *P. tecunumanii* da quais as sementes foram coletadas na América Central ([VÁSQUEZ; DVORAK, 1996](#)). Com o aumento no coeficiente r , as estimativas da herdabilidade em âmbito individual são mais conservadoras ([SQUILLACE, 1974](#)) e $\sigma_a^2 = \sigma_g^2 / r$. O coeficiente de variação genética aditiva (CV_a), entre parcelas (CV_e), dentro de parcelas (CV_d) e o coeficiente de variação genética (CV_g) foram calculados assim:

$$CV_a = \frac{\sqrt{\sigma_a^2}}{\bar{x}} \times 100 \quad CV_e = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{x}} \times 100 \quad CV_d = \frac{\sqrt{\sigma_d^2}}{\bar{x}} \times 100 \quad CV_g = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{x}} \times 100$$

\bar{x} = média do caráter

O cálculo da seleção simultânea de três caracteres (volume, forma do tronco e diâmetro do galho) entre médias de progênies foi feito com o programa GENES ([CRUZ, 2006](#)), no qual o índice multiplicativo ([SUBANDI et al., 1973](#)) e a soma de *ranks* ([MULAMBA; MOCK, 1978](#)) mostraram-se promissores. Utilizaram-se também esses dois índices para cada árvore

mensurada, tanto dentro de cada progênie escolhida (seleção entre e dentro) como para todos os indivíduos do povoamento. A seleção de árvores somente pelo caráter volume foi utilizada também para comparações. Simulou-se um descarte de 40 % das progênies e impôs-se limite de, no máximo, três árvores por parcela (total de seis árvores), mesmo que os valores genéticos das outras três árvores (dentro da mesma parcela) estivessem entre o número limite de árvores selecionadas, a fim de garantir maior espaçamento entre as árvores e diminuir a endogamia. Por meio desse procedimento, as árvores que permanecerem terão área média de aproximadamente 34 m² (635 plantas selecionadas). Em todos os métodos testados, manteve-se essa mesma área média. Então, para o índice multiplicativo tem-se:

$$I = y_1^{k_1} y_2^{k_2} \dots y_n^{k_n} \text{ ou } I = (y_1 + 2)^{k_1} (y_2 + 2)^{k_2} \dots (y_n + 2)^{k_n}$$

em que:

y_j = valor médio ou individual do caráter j ou valor individual do índice multiefeito (valor genético) do caráter j ;

$k_j = 1$, se for considerada a relação direta com a variável;

$k_j = -1$, se for considerada a relação inversa do índice com a variável.

Quando o valor genético de cada caráter foi usado como fator, acrescentou-se a constante 2 para cada valor genético, já que existiam também valores negativos.

Para o índice soma de *ranks*, o ordenamento foi normalizado pelo caráter com valores de menor amplitude (diâmetro do galho), utilizando regra de três para determinar o fator de multiplicação para os caracteres com valores de maior amplitude (volume e forma do tronco) e, então, somou-se a posição dos três caracteres. Adicionalmente, fizeram-se cálculos com os valores normalizados dos três caracteres multiplicados por seus respectivos coeficientes de variação genética. Portanto, utilizaram-se as seguintes fórmulas:

$$I = r_1 + r_2 + \dots + r_n \text{ ou } I = p_1 r_1 + p_2 r_2 + \dots p_n r_n$$

em que:

I = valor do índice para determinado indivíduo ou progênie;

r_j = classificação (ou *rank*) de um indivíduo em relação à j -ésima variável de forma normalizada;

p_j = peso econômico atribuído pelo usuário à j -ésima característica, sendo que neste estudo foi usado o coeficiente de variação genética (CV_g);

n = número de variáveis consideradas no índice.

O valor genético (I) individual ou índice multiefeito (RESENDE; HIGA, 1994) foi estimado por:

$$I = h_d^2(Y_{ijk}) + (h_p^2 - h_d^2)\bar{Y}_{ij.} + (h_b^2 - h_p^2)\bar{Y}_{.j.} + (h_m^2 - h_p^2)\bar{Y}_{i..} + (h_p^2 - h_b^2 - h_m^2)\bar{Y}_{...}$$

em que:

Y_{ijk} = valor individual; $\bar{Y}_{...}$ = efeito da média geral; $\bar{Y}_{i..}$ = média da progênie no ensaio; $\bar{Y}_{.j.}$ = média do bloco; $\bar{Y}_{ij.}$ = média da progênie em determinado bloco (média da parcela).

Os coeficientes do índice correspondem às herdabilidades associadas aos efeitos de indivíduo dentro de parcelas (h_d^2), de progênie (h_m^2), de parcela (h_p^2), de blocos (h_b^2) e individual (h_i^2).

As herdabilidades foram calculadas pelas seguintes fórmulas:

$$h_d^2 = \frac{(1-r)\sigma_a^2}{\sigma_d^2} \quad h_m^2 = \frac{[1 + (nb - 1)r]\sigma_a^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2/b + \sigma_d^2/nb} \quad h_p^2 = \frac{[(1-r)/n]\sigma_a^2}{\sigma_e^2 + \sigma_d^2/n}$$

$$h_b^2 = \frac{[(1-r)/ng]\sigma_a^2}{\sigma_b^2 + \sigma_e^2/g + \sigma_d^2/ng} \quad h_i^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2}$$

em que:

r = coeficiente de correlação genético aditivo entre plantas dentro de progênies; σ_a^2 = variância genética aditiva; g = número de progênies; b = número de repetições; n = média harmônica de número de plantas por parcela.

A resposta esperada na seleção foi estimada pela média dos valores genéticos dos indivíduos selecionados.

O tamanho efetivo populacional foi obtido de acordo com Resende e Bertolucci (1995), como segue:

$$N_e = \frac{4N_f \bar{k}_f}{\bar{k}_f + 3 + (\sigma_{kf}^2 / \bar{k}_f)}$$

em que:

\bar{k}_f = número médio de indivíduos selecionados por progênie ($\bar{k}_f = N/N_f$);

σ_{kf}^2 = variância do número de indivíduos selecionados por progênie;

N_f = número de progênies selecionadas;

N = número total de indivíduos selecionados.

Resultados e Discussão

Observa-se na [Tabela 2](#) que não houve correlação entre forma do tronco e diâmetro do galho. Existe correlação positiva entre forma do tronco e volume e negativa entre diâmetro do galho e volume. Depreende-se desses resultados que, se for feita seleção direta do caráter volume, provavelmente haverá melhora na forma do tronco e ramos mais grossos. Caso se selecione para forma do tronco, provavelmente o diâmetro do galho não será afetado.

Verifica-se na [Tabela 3](#) que a seleção simultânea entre e dentro, utilizando tanto a soma de *ranks* com valores normalizados (método 2) como multiplicando esses valores pelo coeficiente de variação genética (método 3), propiciou ganho de seleção em termos percentuais superior aos outros

métodos testados para nível de manutenção de 60 % das progênie e 50 % dentro da progênie. Outro método que mostrou uma somatória dos ganhos genéticos dos três caracteres, similar a esses dois citados anteriormente, foi a seleção utilizando o índice multiefeito (IME) de cada caráter acrescido do valor 2 (constante), como fator para formação desse índice multiplicativo específico, aplicado para todos os indivíduos (método 6). Contudo, houve uma discrepância na composição individual, sendo que o ganho em volume foi menor e o grau de diminuição do diâmetro do galho foi maior. A seleção simultânea, abrangendo todos os indivíduos do povoamento, pelo método da soma de *ranks* normalizada (método 8), mostrou similaridade na distribuição dos ganhos de seleção ao anterior, porém com valores um pouco inferiores nos caracteres volume e diâmetro do galho. A seleção direta do caráter volume (método 4) ou pelo índice multiefeito do caráter volume (método 5) - métodos usualmente utilizados -, como era esperado, obteve os maiores ganhos de seleção nesse caráter, ressaltando que o segundo foi ainda maior. Contudo, como efeito indireto, houve aumento no diâmetro do galho na média dos indivíduos selecionados, o que é indesejável em madeira destinada ao desdobro. Verifica-se também, na [Tabela 3](#), que os tamanhos efetivos populacionais foram superiores quando as seleções foram realizadas com todos os indivíduos do que nas seleções entre progênie (seleção truncada) e dentro delas, porém o menor valor encontrado nas seleções entre e dentro (94) possui uma segurança de que os alelos selecionados, mesmo aqueles existentes em baixas proporções, dificilmente serão perdidos. [Vencovsky \(1987\)](#) comenta que pela tabela de intervalos de confiança para proporções, dada por [Steel e Torrie \(1960\)](#), nota-se que, com $P = 0,05$ e $2N_e = 150$, 95 % das amostras terão freqüências alélicas entre os limites 0,0211 e 0,0981 e 99 % delas estarão entre 0,0156 e 0,1150. Esse valor de $N = 75$ garante, pois, uma boa margem de segurança, visto que as freqüências alélicas amostrais não alcançarão o valor zero, o que significaria a perda desse alelo.

O coeficiente de variação genética aditiva mostrou alto controle genético para volume seguido da forma do tronco e diâmetro do galho ([Tabela 4](#)). Vale destacar que esse coeficiente de variação permite a comparação da variabilidade genética entre características, dentro de uma mesma

população, numa mesma idade (ROCHA et al., 2006). Quanto à razão CV_o/CV_e , nota-se que o caráter volume mostrou maior valor do que forma do tronco e diâmetro do galho. Quando essa relação é igual a um, indica que a variância genética dentro das progênies é nula; porém, quando maior, indica situação favorável à seleção dentro. Portanto, a característica volume apresenta maior possibilidade de sucesso com a seleção. As estimativas de variância entre plantas dentro de progênies (σ_d^2) e de herdabilidade ao nível de médias de progênies (h_m^2) indicam que os melhores progressos genéticos poderão ser obtidos por seleção das melhores progênies seguida de seleção dentro das progênies. De certa forma, essa afirmação foi comprovada com os métodos 2 e 3 da [Tabela 3](#) [seleção entre progênies e dentro delas, utilizando a soma de *rank*s normalizada (método 2) e a mesma multiplicada pelo coeficiente de variação genética (método 3)]. As herdabilidades em nível de médias de progênies (h_m^2) de *Pinus tecunumanii* aos 20 anos de idade (0,75 para forma do tronco, 0,57 para diâmetro do galho e 0,79 para volume) nem sempre foram compatíveis com outros experimentos com o gênero *Pinus*. Por exemplo: para *Pinus caribaea* var. *bahamensis* aos 13 anos, foi 0,32 para forma do tronco e 0,56 para volume (MISSIO et al., 2004); para *Pinus oocarpa* de 13 anos, foi 0,61 para forma do tronco, 0,67 para diâmetro do galho e 0,81 para volume (MOURA et al., 1998). Constata-se que as estimativas da herdabilidade referente aos efeitos de parcela e blocos apresentaram magnitudes consideráveis no caráter volume.

Tabela 2. Coeficientes de correlação linear de Pearson para os caracteres forma do tronco, diâmetro do galho e volume para *Pinus tecunumanii* aos 20 anos de idade.

	Forma do tronco	Diâmetro do galho	Volume
Forma do tronco	1,000	-0,036 n.s.	0,323**
Diâmetro do galho		1,000	-0,327**
Volume			1,000

n.s. = não significativo; ** = $P < 0,01$

Tabela 3. Ganhos de seleção (GS) por caráter referentes a média do povoamento, somatória (Σ) dos três caracteres em termos percentuais e tamanho efetivo populacional (N_e) para *Pinus tecunumanii* aos 20 anos de idade.

Métodos de seleção	Volume (m ³ árvore ⁻¹)		Forma do tronco ⁽¹⁾		Diâmetro do galho ⁽¹⁾		Ó	N _e
	GS	GS %	GS	GS %	GS	GS %		
1. Seleção simultânea entre progênes e dentro delas usando os valores reais de cada caráter como fator no índice multiplicativo (IMU)	0,097	8,98	0,016	0,48	0,029	1,26	10,72	94
2. Seleção simultânea entre e dentro (soma de <i>ranks</i> dos três caracteres com valores normalizados - V.N.)	0,108	10,00	0,015	0,45	0,024	1,04	11,47	94
3. Seleção simultânea entre e dentro (soma de <i>ranks</i> com o CV _g ⁽²⁾ como peso)	0,115	10,63	0,013	0,38	0,014	0,62	11,64	94
4. Seleção direta do caráter volume abrangendo todos os indivíduos do povoamento (TIs)	0,125	11,57	0,011	0,33	-0,065	-2,81	9,09	131
5. Seleção direta usando a ordenação do índice multifeito (IME) do caráter volume (TIs)	0,148	13,70	0,012	0,36	-0,072	-3,12	10,95	111
6. Seleção simultânea abrangendo TIs, usando os valores reais de cada caráter no IMU	0,072	6,67	0,015	0,45	0,108	4,68	11,79	111
7. Seleção simultânea (TIs) usando o IME de cada caráter como fator n o IMU	0,102	9,44	0,015	0,45	0,027	1,17	11,06	142
8. Seleção simultânea (TIs) usando a soma de <i>ranks</i> com V.N.	0,061	5,65	0,018	0,54	0,085	3,68	9,87	132
9. Seleção simultânea (TIs) usando a soma de <i>ranks</i> com o CV _g como peso	0,099	9,17	0,012	0,36	0,040	1,73	11,26	129

Tabela 4. Estimativas da variância genética entre progênies (σ_g^2), variância entre parcelas (σ_e^2), variância entre blocos (σ_b^2), variância dentro das parcelas (h^2_b), herdabilidade de progênie (h^2_m), herdabilidade dentro de parcelas (h^2_d), herdabilidade de parcelas (h^2_p), herdabilidade de blocos (h^2_b), herdabilidade individual (h^2_i) e dos coeficientes de variação genética aditiva (CV_a), entre parcelas (CV_e) e dentro de parcelas (CV_d) para os três caracteres estudados em *Pinus tecunumanii*, aos 20 anos, em Planaltina, DF.

	σ_g^2	σ_e^2	σ_d^2	σ_b^2	h^2_m	h^2_d	h^2_p	h^2_b	$\frac{CV_d}{CV_e}$	CV_a	h^2_i
Forma do tronco	0,0044 (5 %)*	0,0148 (17 %)	0,0690 (78 %)	0 (0 %)	0,75	0,27	0,15	0,05	2,2	3,4	0,15
Diâmetro do galho	0,0421 (10 %)	0,0680 (16 %)	0,3110 (73 %)	0,0050 (1 %)	0,57	0,13	0,07	0,07	2,1	15,4	0,30
Volume	0,0310 (9,1 %)	0,0081 (2,4 %)	0,2984 (88 %)	0,0018 (0,5 %)	0,79	0,21	0,19	0,10	6,1	28,2	0,28

Conclusões

- A seleção simultânea de caracteres entre progênies e dentro delas utilizando o índice soma de *ranks* de valores normalizados (método 2) e usando o coeficiente de variação genética como peso (método 3) destacou-se positivamente, para as progênies avaliadas, entre os demais métodos.
- O caráter volume apresentou maiores possibilidades de ganhos genéticos do que os caracteres forma do tronco e diâmetro do galho.
- A seleção direta do caráter volume ou a seleção utilizando o índice multiefeito do caráter volume não são eficientes para seleção indireta no caráter diâmetro do galho.

Referências

- CRUZ, C. D. **Programa GENES**: biometria. Viçosa: UFV, 2006. 382 p.
- CORNACCHIA, G.; CRUZ, C. D.; PIRES, W. Seleção combinada entre e dentro de progênies de meio-irmãos de três espécies do gênero *Pinus*. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 19, n. 2, p. 200-212, 1995.
- FERREIRA, A.; CECON, P. R.; CRUZ, C. D.; FERRÃO, R. G.; SILVA, M. F. da; FONSECA, A. F. A. da; FERRÃO, M. A. G. Seleção simultânea de *Coffea canephora* por meio da combinação de análise de fatores e índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 12, p. 1189-1195, dez. 2005.
- MARTO, G. B. T.; BARRICHELO, L. E. G.; MÜLLER, P. C. H. **Indicações para escolha de espécies de pinus**. Disponível em: <http://www.ipef.br/silvicultura/escolha_pinus.asp>. Acesso em: 13 out. 2006.
- MISSIO, R. F.; CAMBUIM, J.; MORAES, M. L. T. de; PAULA, R. C. de. Seleção simultânea de caracteres em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 66, p. 161-168, 2004.
- MOURA, V. P. G.; DVORAK, W. S.; HODGE, G. R. Provenance and family variation of *Pinus oocarpa* grown in the Brazilian cerrado. **Forest Ecology and Management**, v. 109, p. 315-322, 1998.

MOURA, V. P. G.; VALE, A. T. Variabilidade genética na densidade básica da Madeira de *Pinus tecunumanii* procedente do México e da América Central, no cerrado. **Scientia Forestalis**, n. 62, p. 104-113, 2002.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v. 7, p. 40-51, 1978.

PIRES, I. E.; CRUZ, C. D.; BORGES, R. de C. G.; REGAZZI, A. J. Índice de seleção combinada aplicado ao melhoramento genético de *Eucalyptus* spp. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 20, n. 2, p. 191-197, 1996.

RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p. 37-55, 1994.

RESENDE, M. D. V.; BERTOLUCCI, F. L. G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE "EUCALYPT PLANTATIONS: IMPROVING FIBRE YIELD AND QUALITY", 1995, Hobart. **Proceedings...** Hobart: CRC for Temperate Hardwood Forestry, 1995. p. 167-170.

ROCHA, M. G. de B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis* por meio dos procedimentos REML/BLUP e da ANOVA. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 71, p. 99-107, 2006.

ROMANELLI, R. C.; SEBBENN, A. M. Parâmetros genéticos e ganhos na seleção para produção de resina em *Pinus elliottii* var. *elliottii*, no sul do Estado de São Paulo. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 16, n. 1, p. 11-23, jun. 2004.

SAS INSTITUTE. **The SAS-system for windows**: release 9.1 (software). Cary, 2003.

SQUILLACE, A. E. Average genetic correlations among off-spring from open-pollinated forest trees. **Silvae Genetica**, v. 23, p. 149-156, 1974.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics**. New York: McGraw-Hill, 1960. 481 p.

SUBANDI, W.; COMPTON, A.; EMPIG, L. T. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. **Crop Science**, Madison, v. 13, p. 184-186, 1973.

VALENCIA-MANZO, S.; VARGAS-HERNÁNDEZ, J. J. Correlaciones genéticas y selección simultânea del crecimiento y densidade de la madera en *Pinus patula*. **Agrociencia**, v. 35, n. 1, p. 109-120. 2001.

VÁSQUEZ, J.; DVORAK, W. S. Trend in variances and heritabilities with stand development of tropical pines. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 26, p. 1473-1480, 1996.

VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasmas de espécies alógamas. **IPEF**, n. 35, p. 79-84, Piracicaba, 1987.