

SELEÇÃO PRECOCE NO MELHORAMENTO GENÉTICO FLORESTAL¹

Marcos Deon Vilela de Resende²

RESUMO - A eficiência de programas de melhoramento genético deve ser medida pelo ganho genético por unidade de tempo e acurácia seletiva. Assim, nos ciclos seletivos o intervalo entre gerações deve ser minimizado e a seleção precoce deve ser uma constante no melhoramento florestal. Neste trabalho são discutidos aspectos relativos à eficiência da seleção precoce, enfatizando a estimação de valores genéticos, a estruturação de métodos de seleção e a definição de critérios de seleção. Resultados práticos de programas aplicados de melhoramento florestal são apresentados visando elucidar a questão da eficiência seletiva. Concluiu-se que a seleção precoce em fases juvenis no campo deve ser praticada com base em métodos de seleção elaborados, os quais devem propiciar elevada acurácia. Esforços também devem ser dispensados visando reduzir o intervalo de gerações através da agilização das atividades operacionais, realizadas a partir do momento da seleção até a instalação do teste de progênies do ciclo subsequente.

Palavras-chave: Acurácia, Seleção em múltiplos estágios, Métodos de Seleção, Predição de Valores Genéticos, Eficiência Seletiva.

1. INTRODUÇÃO

Seleção precoce é uma forma de seleção indireta, em que caracteres avaliados em idades prévias à de rotação, são utilizados como preditores de caracteres economicamente importantes na idade de rotação. Assim, toda a teoria subjacente aos sistemas de seleção indireta (NARAIN, 1985;

¹ Palestra apresentada no WORKSHOP: Métodos de Seleção, promovido pela Comissão Técnica de Genética e Melhoramento Florestal da SIF em 29 e 30/09/1994.

² Setor de Métodos Quantitativos, EMBRAPA-CNP Florestas, Cx. Postal 319, 83411-000 Colombo-PR.

FALCONER, 1989) pode ser empregada, com adaptações, à situações envolvendo a seleção precoce.

No contexto de um programa de melhoramento genético florestal aplicado, a seleção precoce desempenha papel fundamental, conforme será ressaltado a seguir.

A Figura 1 apresenta o esquema geral de um programa de melhoramento genético florestal, esquema este, válido também para o melhoramento genético de qualquer espécie perene. Partindo-se de uma população base ou população experimental, a seleção deve ser implementada, em diferentes intensidades visando a constituição das populações de produção e de melhoramento.

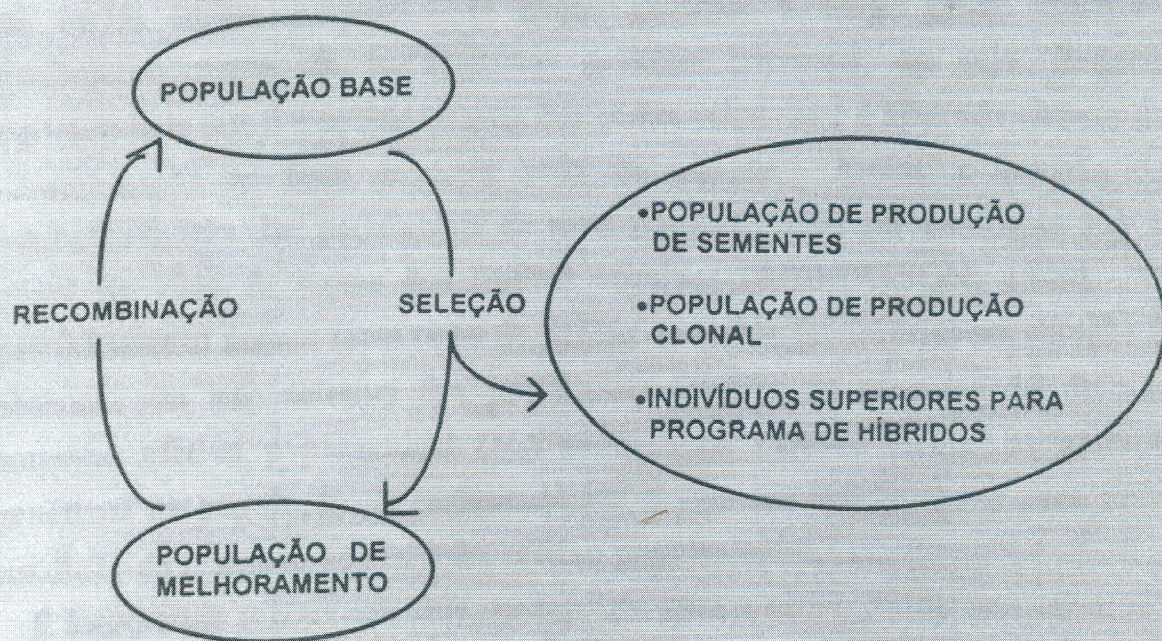


FIGURA 1 - Esquema Geral de um Programa de Melhoramento Genético Florestal.

A população de produção pode ser constituída por pomares de semente, jardins clonais ou pomares de hibridação, conforme o interesse do melhorista. Para a constituição desta população, intensidades de seleção mais altas podem ser adotadas, visando explorar ao máximo a variabilidade genética livre e portanto capitalizar o progresso genético imediato. A seleção pode ser intensa porque não existem grandes restrições quanto ao número de

indivíduos a serem recombinados (no caso de população de produção de sementes), exceto que se deve considerar a endogamia potencial, advinda de possíveis cruzamentos entre indivíduos aparentados e do aumento da probabilidade de autofecundação em espécies monóicas devido à recombinação de um reduzido número de indivíduos. Existem procedimentos que otimizam a seleção para a composição da população de produção considerando simultaneamente os valores genéticos dos indivíduos candidatos à seleção, o progresso genético, o tamanho efetivo e a endogamia potencial. Estes procedimentos foram descritos por RESENDE e BERTOLUCCI (1994).

Por outro lado, a constituição da população de melhoramento visa o melhoramento genético a longo prazo, ou seja, visa o aumento contínuo e progressivo das frequências dos alelos favoráveis através da implementação de vários ciclos seletivos. O ganho genético a longo prazo depende, fundamentalmente, da variabilidade genética potencial, ou seja, daquela variabilidade que é mantida através dos ciclos seletivos e é liberada através da recombinação ao final de cada ciclo de seleção. Assim, a questão do estabelecimento das populações de melhoramento deve ser analisada sob o ponto de vista da teoria dos limites seletivos (ROBERTSON, 1960). O caminhar seguro (sem risco de perdas de alelos favoráveis) em direção à obtenção do teto seletivo das populações implica na manutenção de um tamanho efetivo populacional (N_e) compatível. Dessa forma, os ganhos genéticos na população de melhoramento devem ser maximizados para uma condição de restrição ao tamanho efetivo populacional.

É importante relatar que o N_e necessário para a obtenção do teto seletivo, de maneira geral, não é de grande magnitude, situando-se na faixa de 30 a 60, conforme alguns estudos realizados (RAWLINGS, 1970; PEREIRA e VENCOVSKY, 1988; KANG, 1979). O importante é, por ocasião da seleção, considerar o N_e desejado (RESENDE e BERTOLUCCI, 1994), incluindo nos programas de seleção genética computadorizada, algoritmos que permitam maximizar o ganho genético para uma condição de N_e restrito. (RESENDE et al., 1994).

Os procedimentos de recombinação estão relacionados à eficiência seletiva de duas maneiras: i) em espécies perenes, em geral a etapa de recombinação coincide com a obtenção de progênies para avaliação no ciclo subsequente e,

como determinados delineamentos de cruzamento propiciam uma seleção mais acurada, esta fase está relacionada à eficiência seletiva no ciclo subsequente; ii) em espécies perenes a recombinação pode ser realizada de maneira desbalanceada, com maior ênfase nos indivíduos com maiores valores genéticos. Assim, além da maximização do ganho com base na utilização de acurados métodos de seleção, ganhos adicionais podem ser conseguidos com a utilização dos melhores indivíduos em maior proporção na população de produção, e com a seleção de cruzamentos na população de melhoramento.

De maneira geral, a obtenção de novas progênes deve ser fundamentada na predição a priori da descendência, utilizando-se as informações dos valores genéticos dos indivíduos selecionados. Dessa forma poderao ser geradas progênes já sabidamente superiores. Neste sentido, modelos genéticos preditivos e procedimentos de seleção de cruzamentos têm sido desenvolvidos (ALLAIRE, 1980; TORO e SILIO, 1992).

Pelo exposto até aqui, verifica-se que a eficiência dos diferentes programas de melhoramento florestal é função dos diferentes procedimentos de seleção e recombinação empregados. Um terceiro fator não menos importante refere-se ao tempo dispendido para se completar um ciclo seletivo.

A eficiência de programas de melhoramento deve ser medida pelo ganho genético por unidade de tempo. Assim, o intervalo entre gerações (ou seja, o tempo necessário para se completar o ciclo descrito na Figura 1) desempenha relevante papel no melhoramento de espécies perenes, e a seleção precoce deve ser uma constante no melhoramento florestal.

2. SELEÇÃO PRECOCE E EFICIÊNCIA SELETIVA

A eficiência de um programa de melhoramento genético pode ser expressa através do ganho genético por unidade de tempo. Com recombinação balanceada este ganho equivale a:

$$G_{S/T} = K \sigma_{A r(A,I)} / T \quad (1)$$

onde:

K = diferencial de seleção padronizado.

σ_A = desvio padrão genético aditivo.

$r_{(A,I)}$ = Acurácia: parâmetro que equivale à correlação entre o valor genético verdadeiro de um indivíduo e o índice fenotípico utilizado para estimá-lo. Fornece então, a precisão associada à seleção e equivale a h (raiz quadrada da herdabilidade) no caso da seleção individual.

$T = Z + Y$ = intervalo entre gerações

Z = idade de seleção.

Y = tempo decorrido do momento da seleção até o plantio do teste de progênies da geração seguinte.

Pela expressão apresentada, verifica-se que a eficiência de diferentes procedimentos de seleção pode ser comparada através do parâmetro acurácia e do intervalo entre gerações, sendo que o diferencial de seleção padronizado e o desvio padrão genético aditivo são constantes através dos diferentes procedimentos.

Com recombinação desbalanceada, a eficiência da seleção pode ser medida por:

$$G_{S/T} = \sum_i p_i VG_i / T \quad (2)$$

que é expressão idêntica à (1), onde:

p_i = contribuição proporcional do parental i .

VG_i = valor genético do parental i .

Também, por essa expressão, está ressaltada a importância da acurácia (associada à estimação do valor genético) e do intervalo entre gerações.

De maneira geral, a seleção precoce interfere na eficiência seletiva de duas maneiras: i) diretamente através de T nas expressões (1) e (2); ii) indiretamente afetando a acurácia pois unidades de seleção em estágios precoces apresentam menores covariâncias com o valor genético verdadeiro na idade de rotação.

O ganho indireto na idade de rotação por seleção na idade precoce (juvenil) pode ser expresso por:

$$G_{(S/T)(R/J)} = K \sigma_{A(J,R)} / (\sigma_{FJ} T) = K h_J h_R r_{A(J,R)} \sigma_{FR} / T =$$

$$= K \sigma_{AR} h_J r_{A(J,R)} / T = K \sigma_{AR} r_{(A,I)} / T$$

onde:

$\sigma_{A(J,R)}$ = covariância genética aditiva entre as idades juvenil e de rotação.

$r_{A(J,R)}$ = correlação genética aditiva entre as idades juvenil e de rotação.

h_J = raiz quadrada da herdabilidade na idade juvenil.

h_R = raiz quadrada da herdabilidade na idade de rotação.

σ_{FJ} = desvio padrão fenotípico da unidade de seleção na idade juvenil.

σ_{FR} = desvio padrão fenotípico da unidade de seleção na idade de rotação.

σ_{AR} = desvio padrão genético aditivo na idade de rotação.

Verifica-se pois, que o ganho com a seleção precoce depende simultaneamente da herdabilidade associada ao estágio juvenil e da correlação genética aditiva entre os estágios juvenil e adulto, além é claro, do intervalo entre gerações. É interessante notar que o parâmetro acurácia equivale no caso a $r_{(A,I)} = h_J r_{A(J,R)}$.

Assim, a eficiência (E) da seleção precoce em relação à seleção na idade de rotação equivale exatamente à proporção entre as acurácias associadas à seleção precoce (J) e seleção na idade de rotação (R) multiplicada pelo inverso da proporção entre os intervalos (T) entre gerações.

$$E = \frac{r_{(A,I)J}}{r_{(A,I)R}} \cdot \frac{T_R}{T_J} = \frac{r_{A(J,R)} h_J}{h_R} \cdot \frac{T_R}{T_J}$$

Pela expressão da eficiência pode-se constatar que quanto maior a idade de rotação maior o benefício da seleção precoce. Entretanto, cuidados devem ser tomados, no sentido de que o ganho por unidade de tempo pode ser maximizado devido à minimização de T_J , porém, às custas de uma baixa acurácia ou precisão da seleção, significando que os valores genéticos estimados poderão estar associados a altos desvios padrões ou amplos intervalos de confiança.

3. CRITÉRIOS DE SELEÇÃO PRECOCE

De maneira genérica, a seleção precoce pode ser subdividida em duas categorias: i) associada a ambientes extra-campo, como casas de vegetação, viveiros, laboratórios, etc; ii) associada à fases juvenis no campo.

A seleção associada a ambientes extra-campo apresenta as seguintes características:

- Impossibilidade de avaliação de vários caracteres de importância econômica.
- Menor correlação com a idade de rotação.
- Maior relevância de características fisiológicas e bioquímicas que permitem avaliação precoce e podem estar associadas a características de importância econômica.
- Pouca efetividade em relação à redução do intervalo entre gerações, devido à necessidade de se aguardar a maturidade reprodutiva para se proceder à recombinação.
- Possibilidade de uso de marcadores genéticos de caracteres quantitativos e utilização de métodos mais precisos de seleção como: "seleção assistida por marcadores" e "seleção baseada em marcadores" (LANDE e THOMPSON, 1990).

Por outro lado, a seleção em fases juvenis no campo apresenta as características:

- Possibilidade de avaliação direta da maioria dos caracteres de interesse.
- Maior correlação com a idade de rotação.
- Maior proximidade com a idade de florescimento e portanto maior efetividade na redução do intervalo entre gerações.

Contrastando-se as características apresentadas, verifica-se que a seleção em idades juvenis no campo apresenta plenas condições de utilização. Por outro lado, a seleção em ambientes extra-campo apresentam apenas potencial de utilização. A utilização de características fisiológicas ou bioquímicas requer ainda conhecimentos básicos quanto à herdabilidade dessas

características e linearidade da associação desses caracteres com as características de interesse no campo. Também a utilização de marcadores genéticos demanda conhecimentos prévios a respeito da genética molecular da espécie a ser trabalhada.

Assim, a utilidade atual da seleção precoce extra-campo parece restringir-se à seleção em múltiplos estágios em que apenas uma triagem inicial do material genético é realizada, previamente aos testes de campo, e também na seleção baseada em índices incluindo simultaneamente variáveis avaliadas em viveiro e campo.

Dessa forma, neste trabalho ênfase será dada à seleção precoce em condições de campo.

4. MÉTODOS DE SELEÇÃO PRECOCE

De maneira geral, a definição do método ideal de seleção baseia-se no conhecimento do objetivo da seleção e do sistema de propagação (vegetativa ou via sementes), que será empregado no estabelecimento do plantio comercial.

O objetivo da seleção pode ser definido como apenas um caráter de interesse econômico ou como um agregado de caracteres, estando implícito neste último caso, que se deseja melhorar simultaneamente vários caracteres. No caso de apenas um caráter como objetivo da seleção, a seleção pode basear-se apenas neste caráter, ou simultaneamente neste caráter e em outros caracteres auxiliares na seleção. Evidentemente, no caso de interesse no melhoramento simultâneo de vários caracteres, todos eles devem ser envolvidos no método de seleção. RESENDE et al. (1994), estruturaram um programa de seleção genética computadorizada, definindo métodos de acordo estas três situações apresentadas.

Os sistemas de propagação a serem empregados implicam na utilização de conceitos e parâmetros diferenciados na seleção. Para sistemas de propagação via sementes a seleção deve basear-se nos valores genéticos dos candidatos à seleção, os quais são função apenas dos efeitos gênicos aditivos. Por outro lado, a seleção visando a propagação vegetativa dos indivíduos selecionados deve basear-se nos valores genotípicos dos candidatos à seleção.

Os valores genotípicos são função dos efeitos gênicos aditivos e não aditivos, ou seja, são função do genótipo integral (RESENDE e HIGA, 1992).

Isto posto, pode se dizer, de maneira genérica, que o método ideal de seleção quanto à utilização das informações disponíveis (vários caracteres, vários parentes, vários efeitos do modelo matemático), deve ser definido baseando-se na maximização da correlação entre o valor genético/valor genotípico verdadeiro dos candidatos à seleção e o índice empregado para estimá-lo, ou seja, o método ideal é aquele que apresenta maior acurácia.

Por outro lado na estruturação de um método de seleção, o processo de estimação/predição de valores genéticos/valores genotípicos deve ser considerado com rigor. Diferentes tipos de dados quanto ao balanceamento das informações, ou seja, quanto à quantidade e qualidade (precisão) de informações referentes aos candidatos à seleção, demandam diferentes procedimentos de estimação.

Em situações de dados balanceados, ou seja, em casos em que todos os indivíduos candidatos à seleção apresentam aproximadamente a mesma quantidade (número) e qualidade (precisão) de informações recomenda-se o método BP (Best Prediction). O termo BP conforme relatado por HENDERSON (1977) implica na aplicação de uma mesma função aos dados referentes a todos os candidatos à seleção, culminando com o uso de um mesmo grupo de pesos (ponderadores das diferentes informações fenotípicas) para todos os candidatos à seleção.

Por outro lado, o método BLP (Best Linear Prediction) deve ser utilizado em situações que demandam pesos diferenciados aos diferentes candidatos à seleção, como consequência do desbalanceamento dos dados (WHITE e HODGE, 1989). Nestas situações diferentes herdabilidades efetivas estão associadas aos candidatos à seleção.

Adicionalmente ao desbalanceamento de informações, situações existem, em que os efeitos fixos do modelo linear são estimados com considerável erro. Neste caso uma solução mais elaborada denominada BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) é requerida (HENDERSON, 1973). Esta situação ocorre no melhoramento florestal, principalmente, em casos em que são instalados testes com reduzido número de progênies. O método BLUP não é um método de solução explícita mas sim iterativa, ou seja, são realizadas

várias interações até a convergência para um valor adequado. Demanda assim, grandes esforços computacionais. O método BLUP estima os efeitos fixos e os valores genéticos (associado à parte aleatória dos modelos mistos), exigindo entretanto o conhecimento prévio dos parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) (FALCONER, 1989).

Outras situações existem no melhoramento, nas quais estão presentes desbalanceamentos, problemas de estimação de efeitos fixos e desconhecimento de parâmetros genéticos. Nestas situações, o método iterativo REML (Restricted Maximum Likelihood) deve ser utilizado, pois permite a estimação de componentes de variância, parâmetros genéticos e valores genéticos (FALCONER, 1989). Uma situação típica para se aplicar REML consiste da utilização de informações de parentes de diferentes gerações, em que, além de estarem associadas a diferentes precisões, existe o efeito da seleção sobre a variabilidade genética. Dessa forma, as informações necessitam ser ponderadas da melhor maneira possível visando contornar estes problemas.

Especificamente no caso da seleção precoce, quatro situações podem ser delineadas: i) seleção em um único estágio precoce; ii) seleção empregando-se informações de vários estágios precoces; iii) seleção empregando-se simultaneamente informações de estágios precoces e informações da idade de rotação; iv) seleção em múltiplos estágios, ou seja, a uma intensidade mais fraca na idade precoce e seleção complementar na idade de rotação.

A seleção envolvendo um único estágio precoce deve ser realizada através do método que propicie maior acurácia. Em geral, este método deverá envolver o uso de múltiplas informações associadas aos diferentes efeitos do modelo matemático (no caso de teste de progênies instalados em delineamentos experimentais), aos parentes colaterais e descendentes dos candidatos à seleção e à caracteres auxiliares no melhoramento do caráter objetivo.

Na seleção envolvendo vários estágios precoces, pode-se incluir informações de um mesmo caráter em diferentes idades no índice de seleção. Neste caso, as covariâncias genéticas na matriz que associa os valores

genéticos aos dados fenotípicos, devem ser traçadas em relação ao caráter objetivo na última idade avaliada.

Nas duas situações já comentadas, a definição das idades precoces a serem empregadas depende de estudos prévios que demonstrem repetibilidade da eficiência seletiva nestas idades.

A seleção envolvendo simultaneamente informações de estágios precoces e da idade de rotação, não se trata em essência de seleção precoce, uma vez que a recombinação será realizada por ocasião da idade de rotação. Entretanto, o uso de informações dos estágios precoces pode contribuir para o aumento da eficiência seletiva na idade de rotação (RESENDE et al., 1993b).

Por sua vez a seleção em múltiplos estágios apresenta aspectos interessantes no sentido de que os materiais genéticos podem ser submetidos a certas condições de stress em estágios juvenis visando uma seleção inicial para adaptação e, posteriormente, o grupo seletivo pode ser submetido a seleção nas condições normais de campo. Em geral, este método está associado à seleção precoce e posterior confirmação dos melhores na idade de rotação. Neste sentido, várias podem ser as estratégias adotadas.

A nível metodológico algumas restrições e ressalvas devem ser realizadas. Como em geral, os métodos envolvem índices de seleção, necessário se faz o emprego de precisas matrizes de variância e covariância. Assim é necessário a aplicação de testes de consistência das matrizes, as quais devem ser positiva-definidas, ou seja, apresentarem autovalores positivos. Uma vez que covariâncias genéticas são medidas como função linear de produtos médios é perfeitamente possível que as matrizes de variância-covariância genética possam ser não positiva-definidas, significando que estimativas de correlações parciais podem ultrapassar a amplitude de definição paramétrica de -1 a 1. Isto ocorre devido à variabilidade de amostragem, e a probabilidade de se obterem matrizes de variância-covariância genética não positiva-definidas é bastante alta (HILL e THOMPSON, 1978; HAYES e HILL, 1980), especialmente se o número de genótipos é pequeno. Para contornar este problema procedimentos que envolvem a modificação das estimativas de parâmetros genéticos e transformações canônicas das variáveis têm sido propostos (HAYES e HILL, 1981; TAI, 1989) e devem ser utilizados.

Quanto à seleção em múltiplos estágios, o ganho genético total (G_{ST}) é estimado por $G_{ST} = G_{S(R/J)} + G_{R/R} = K_J \sigma_{A(J,R)} / \sigma_{FJ} + K_R^* \sigma_{AR}^{2*} / \sigma_{FR}^{2*}$, onde:

- $G_{S(R/J)}$ = ganho na idade de rotação com seleção no 1º estágio (juvenil).
- $G_{R/R}$ = ganho na idade de rotação com seleção no 2º estágio (idade de rotação).
- K_J = diferencial de seleção padronizado, na idade juvenil.
- K_R^* = diferencial de seleção padronizado, na idade de rotação. Em geral difere de K_J .
- σ_{AR}^{2*} = variância genética aditiva na idade de rotação, ajustada para os efeitos da seleção realizada no 1º estágio.
- σ_{FR}^{2*} = variância fenotípica na idade de rotação, ajustada para os efeitos da seleção realizada no 1º estágio.

De maneira geral, neste caso as variâncias podem ser ajustadas de acordo com a expressão genérica:

$\sigma_R^{2*} = \sigma_R^2 - [(\sigma_{(J,R)})^2 K_J (K_J - T_J)] / \sigma_J^2$, expressão esta construída a partir de COCHRAN (1951) e CUNNINGHAM (1975). A variável $K_J(K_J - T_J)$ é puramente dependente da intensidade de seleção e foi tabulada por FINNEY (1956). A partir desta expressão genérica tem-se, por exemplo, a variância genética aditiva ajustada para uma seleção prévia realizada na mesma população, na mesma geração e na mesma idade:

$$\sigma_A^{2*} = \sigma_A^2 - [(\sigma_A^2)^2 K_J (K_J - T_J)] / \sigma_F^2 = \sigma_A^2 (1 - h^2 K_J (K_J - T_J))$$

onde:

T_J = é o ponto de truncamento na curva normal padronizada, associado à seleção prévia.

h^2 = herdabilidade associada à seleção prévia.

σ_A^2 = estimativa prévia (antes da seleção) da variância genética aditiva.

5. SELEÇÃO EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO APLICADO

A seleção a nível aplicado tem sido realizada, geralmente, em estágios prévios à idade de rotação. No programa de melhoramento genético de *Eucalyptus grandis* da Cenibra a seleção foi realizada aos 5 anos, empregando-se o método da seleção combinada multivariada (incluindo altura e diâmetro e os efeitos de família e indivíduo dentro de parcela) visando ganho em volume (EMBRAPA, 1991). No projeto de melhoramento genético de *Eucalyptus* coordenado pela EMBRAPA, a seleção foi conduzida aos 3 ou 5 anos de idade empregando-se o método índice multi-efeitos no experimento sobre a variável volume.

No melhoramento de *Eucalyptus globulus* em Portugal a seleção aos três anos conduziu ao dobro do ganho por unidade de tempo em relação à seleção praticada aos 8 anos (BORRALHO et. al., 1992).

Na Aracruz Celulose, a seleção (método da seleção combinada univariada) em *Eucalyptus urophylla* aos 2 anos de idade, visando ganho aos 7 anos mostrou-se 65% mais eficiente em termos de ganho por unidade de tempo, do que a seleção aos 7 anos (RESENDE & BERTOLUCCI, 1993). Na EMBRAPA, a seleção (método BLP multivariado) baseada em diâmetro aos 3 e 5 anos de idade visando ganho em volume aos 5 anos mostrou-se 22% mais eficiente que a seleção empregando-se apenas os dados do 5º ano (RESENDE et al., 1993a).

Na Tabela 1 são apresentados resultados obtidos por RESENDE et al. (1993b), comparando diferentes métodos de seleção incluindo avaliações precoces.

A Tabela 1 evidencia a vantagem de se empregar avaliações de várias idades nos métodos de seleção. A seleção aos cinco anos empregando-se também avaliações do 3º ano mostrou-se 27% mais eficiente que a seleção empregando-se apenas os dados do 5º ano.

A utilização de várias medições no tempo, em cada indivíduo candidato à seleção, é importante uma vez que a variação entre medições no tempo pode ser atribuída à efeitos de ano (condições climáticas diferenciadas em cada ano de crescimento), à efeito de idade propriamente dita (efeito genético) e à interação entre estes efeitos. Dessa forma, a seleção considerando avaliações

de várias idades contribui para minimizar a influência dos efeitos de ano e interação idade x ano na estimação de valores genéticos. Uma seleção estruturada dessa forma baseia-se também na utilização dos conceitos de "repetibilidade" da expressão fenotípica ao longo de diferentes estágios de desenvolvimento e "estabilidade temporal" face às variações climáticas ano a ano. Em suma, este tipo de seleção implicaria na identificação de genótipos mais previsíveis.

TABELA 1 - Progressos genéticos associados a três diferentes métodos de seleção, visando a maximização do ganho genético em volume de madeira aos 5 anos

Métodos	Ganhos (%)	Eficiência em Relação ao Método 1	Eficiência em relação ao método 2
1. Seleção combinada para volume aos 5 anos (método padrão)	ciclo- 27,61	1,0	-
	ano - 3,07	1,0	-
2. Índice multi-efeitos mul- tivariado multi-idades incluindo caracteres de crescimento aos 3 e 5 anos	ciclo - 35,16	1,27	1,0
	ano - 3,91	1,27	1,0
3. Índice multi-efeitos mul- tivariado incluindo ca- racteres de crescimento aos 3 anos de idade.	ciclo - 32,60	1,18	0,93
	ano - 4,66	1,52	1,19

Observa-se também pela Tabela 1, que a seleção precoce aos três anos de idade baseando-se em um maior número de informações (vários caracteres e vários efeitos do modelo matemático) visando ganho aos 5 anos mostrou-se mais eficiente que a seleção no próprio 5º ano, porém usando-se apenas 2 fontes de informação. A superioridade foi observada tanto a nível de ganho genético por ciclo (18%) quanto por ano (52%). Estes resultados ressaltam a importância da utilização de métodos de seleção mais elaborados. Estes métodos podem suprir, em parte, a perda de informações da idade de rotação.

6. CONSIDERAÇÕES FINAIS

De maneira geral, os resultados práticos têm mostrado que a seleção precoce é sempre vantajosa em termos de ganho genético por unidade de tempo. Entretanto, não deve ser analisado apenas o ganho genético anual para se determinar a idade ideal de seleção, mas sobretudo a acurácia associada à seleção, a qual indica a confiabilidade da seleção realizada.

Na seleção precoce deve ser enfatizada a utilização de métodos mais elaborados de seleção, os quais possam otimizar o uso de todas as informações disponíveis, conduzindo à acurácia de boas magnitudes. Esforços devem também ser dispendidos visando reduzir o intervalo entre gerações (T na expressão 1) via minimização do componente Y (expressão 1). Assim, grande agilidade operacional é requerida a partir do momento da seleção, visando acelerar as etapas de propagação, cruzamentos, produção de mudas e instalação de novos testes de progênie.

Para espécies do gênero *Eucalyptus*, a seleção aos 2 ou 3 anos com intervalo entre gerações de 5 ou 6 anos parece uma situação ideal.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLAIRE, F.R. Mate selection by selection index theory. *Theoretical and Applied Genetics*, 57:267-72, 1980.
- BORRALHO, N.M.G.; COTERRILL, P.P.; KANOWISKI, P.J. Genetic control of growth of *Eucalyptus globulus* in Portugal II. Efficiencies of early selection. *Silvae Genetica*, 41:70-77, 1992.
- COCHRAN, W.G. Improvement by means of selection. *Proc. 2nd Berkley Symp. on Math, Stat. and Probability*, ed. Neyman, J., p.449-470, 1951.
- CUNNINGHAM, E.P. Multi-stage index selection. *Theoretical and Applied Genetics*, 46:55-61, 1975.
- EMBRAPA-CNPFLORESTAS. Relatório de Cooperação técnica em melhoramento genético de *Eucalyptus* - Convênio EMBRAPA-CENIBRA. Não publicado. 1991.
- FALCONER, D.S. *Introduction to quantitative genetics*. New York. The Ronald Press Co. 1989, 385p.