

Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto

The application of the REML/BLUP methodology for eucalypt clones selection

Carlos Henrique Garcia
Maria Cristina Stolf Nogueira

RESUMO: Com o objetivo de selecionar os melhores clones, foram testados 312 clones de *E. grandis*, *E. pellita* e híbridos *E. urograndis* aos 7 anos de idade, de um experimento instalado em Eunápolis, BA. Utilizaram-se a Metodologia de Modelos Mistos para a obtenção da Melhor Predição Linear não Viesada (BLUP) dos efeitos genotípicos e o processo da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) para a estimação dos componentes de variância e dos parâmetros genotípicos. O processamento foi realizado pelo programa SELEGEN, desenvolvido pela Embrapa, cujo vetor de soluções apresenta os efeitos genotípicos preditos e ganhos de seleção para cada clone. A seleção dos clones com desempenho relativo superior a 80% resultou numa nova média para volume igual a 0,519 m³, correspondendo a um aumento de 22,8% em relação à média das testemunhas (clones de *E. grandis*, origem Rio Claro), que foi de 0,415 m³, e ganho de 36,8% em relação à média do experimento, que foi equivalente a 0,380 m³. Como resultado, foram selecionados 26 clones, sendo 23 procedentes de Aracruz (*E. urograndis*), dois de Avaré (híbridos de *E. urophylla*) e um originário de Cardwell, Austrália (*E. grandis* puro).

PALAVRAS-CHAVE: Seleção clonal, Clones de eucalipto, Melhor predição linear não viesada

ABSTRACT: A clonal test of *Eucalyptus* spp, with seven years old, was evaluated in Eunápolis, Bahia State. This paper objective was selecting the best clones based on Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) of the genotypic effects using the Mixed Models Methodology. The variance components and genotypic parameters were obtained by using the Maximum Restricted Likelihood (REML) process. The vector of solutions of mixed models equations, processed by the program SELEGEN, developed by Embrapa, presents the predicted genotypic effects, gain of selection and predicted genotypic values for each clone. The selection of the best clones by the REML/BLUP methodology was efficient with high gain selection. The selection of the clones with superior relative acting at 80% resulted in a new average for volume equal to 0.519 m³ corresponding to an increase of 22,8% in relation to the average of the control (clones of *E. grandis*, from Rio Claro), and a gain of 36,8% in relation to the average of the experiment, that was equivalent at 0.380 m³. 26 clones were selected, being 23 of Aracruz (*E. urograndis*), two of Avaré (Hybrid of *E. urophylla*) and 1 of Cardwell, Australia (*E. grandis*).

KEYWORDS: Clones selection, *Eucalyptus*, Best linear unbiased prediction

INTRODUÇÃO

A utilização de modelos mistos para espécies perenes como café ou eucalipto, visando a obtenção dos estimadores (BLUE) e dos preditores (BLUP) dos valores genéticos, tem se destacado principalmente devido à possibilidade de avaliação de experimentos desbalanceados.

A predição do BLUP presume o conhecimento dos verdadeiros valores dos componentes de variância, entretanto, como isso não é possível, na solução via Equações de Modelos Mistos, têm sido utilizadas as estimativas destes componentes. Neste caso, dentre os principais procedimentos para estimação dos componentes de variância,

destaca-se o de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), proposto por Patterson e Thompson (1971) e descrito por Lopes et al. (1998).

Este trabalho tem por objetivo selecionar clones de um experimento clonal de *Eucalyptus* spp, aos 7 anos de idade, utilizando metodologia de modelos mistos para obtenção do melhor preditor linear não viesado (BLUP) e o procedimento de máxima verossimilhança restrita (REML) para obtenção dos componentes de variância, tendo como variável os valores de produção volumétrica de madeira expressos em m³/árvore.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados de um experimento de *Eucalyptus* spp, conduzido pela Veracel Celulose, instalado no município de Eunápolis, BA, em que são comparados clones de eucalipto de diferentes origens e procedências.

Foram testados 312 clones, sendo 153 procedentes de Aracruz Florestal (*E. urograndis*), 90 da Austrália (*E. grandis* puro), 32 de Rio Claro (*E. grandis* híbridos), 25 de Avaré (híbridos de *E. urophylla*), 1 da África do Sul (*E. grandis* puro) e 11 *E. grandis* de procedências não registradas.

Como testemunha foram utilizados os clones 361 e 373, ambos *E. grandis* de Rio Claro. Devido ao grande número de clones e diversidade de procedências, aliados à falta de informações dos progenitores, os clones foram considerados como não aparentados para efeito de análise.

O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso. Cada tratamento (Clone) foi representado por 20 plantas, dispostas em parcelas lineares de cinco plantas, distribuídas em 3 blocos, com espaçamento de 3,0 x 2,0 metros entre árvores.

Utilizou-se bordadura tripla ao redor do experimento e dupla entre blocos. A área total do experimento foi de 7,2 hectares. O experimento apresentou desbalanceamento entre blocos.

A escolha da área para plantio, segundo informações da Veracel Celulose, foi efetuada levando-se em consideração a homogeneidade do solo e a representatividade da mesma para que as extrapolações pudessem ser efetuadas com sucesso. A área experimental era anteriormente ocupada por cerrado. As mudas foram produzidas no viveiro da Veracel. No preparo do solo foram aplicados 4,0 litros/ha de herbicida 10 dias antes do plantio em toda a área e foi feita subsolagem

a 50 cm de profundidade a cada 3 metros, formando assim as linhas de plantio. Realizou-se a adubação com 250 kg/ha de Fosfato da Carolina do Norte distribuído no momento da subsolagem e 150 kg/ha de NPK 5:38:5 incorporado na cova 3 dias antes do plantio. Devido à alta incidência de cupim foi aplicado cupinicida nas covas.

Para a análise dos dados observados, o caráter de produtividade (volume de madeira) foi estimado indiretamente a partir da equação de regressão utilizada comercialmente pela Veracel:

$$V = \exp\{-10,0954 + 1,7907 * \ln(\text{DAP}) + 1,1306 * \ln(\text{H})\}$$

em que

V = Volume comercial da árvore, em m³ com casca;

LN = Logaritmo neperiano;

DAP = Diâmetro à altura do peito, em cm;

H = Altura, em metros.

A seleção dos clones foi feita com base nos clones que apresentaram desempenho relativo superior a 80% para o valor genotípico da variável Volume. Para efeito de comparação, foram utilizados os valores das testemunhas 361 e 373.

Para escolha do valor representativo de um clone, os valores genotípicos de cada caráter avaliado foram obtidos a partir do procedimento REML - Máxima Verossimilhança Restrita, aplicada ao modelo linear misto, que na forma matricial, utilizado para avaliação de clones não aparentados, no delineamento em blocos ao acaso com várias árvores por parcela, sugerido por Resende (2000) é:

$$Y = Xb + Zg + Wp + e$$

em que

Y = Vetor de observações fenotípicas para um caráter;

X = Matriz de incidência para os efeitos fixos;

b = Vetor de efeitos fixos (média geral e efeitos de blocos);

Z = Matriz de incidência para os efeitos genotípicos;

g = Vetor de efeitos genotípicos;

W = Matriz de incidência para os efeitos de parcelas;

p = Vetor de efeitos de parcelas;

e = Vetor dos efeitos de erros de natureza aleatória.

As estruturas de médias e variâncias são dadas por:

$$E \begin{bmatrix} Y \\ g \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad Var \begin{bmatrix} g \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix};$$

As equações do modelo misto para estimar os efeitos fixos e prever os efeitos aleatórios são dadas por:

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{g} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I\hat{\lambda}_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\hat{\lambda}_2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'Y \\ Z'Y \\ W'Y \end{bmatrix}$$

em que

$$\hat{\lambda}_1 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_g^2} = \frac{1 - \hat{h}_g^2 - \hat{c}^2}{\hat{h}_g^2};$$

$$\hat{\lambda}_2 = \frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_p^2} = \frac{1 - \hat{h}_g^2 - \hat{c}^2}{\hat{c}^2};$$

$$\hat{h}_g^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2};$$

$$\hat{c}^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2};$$

em que

I = Matriz identidade;

h_g^2 = herdabilidade individual no sentido amplo;

c^2 = correlação intraclasses devida ao ambiente comum na parcela;

σ_g^2 = variância genotípica entre clones;

σ_p^2 = variância entre parcelas;

σ_e^2 = variância residual ou ambiental dentro de parcelas

Os estimadores para os componentes de variância genética (aditiva e dominante), coeficientes de herdabilidade, valores genéticos e valores genotípicos foram apresentados por Resende e Araújo (1993) e por Resende (2000). Os autores apresentam os estimadores de acordo com as estratégias de seleção e propagação do material selecionado. Os estimadores iterativos de componentes de variância por REML a serem utilizados neste estudo são dados, de acordo com esses autores, pelas expressões a seguir:

em que

$$\hat{\sigma}_e^2 = [Y'Y - \hat{b}'X'Y - \hat{g}'Z'Y - \hat{p}'W'Y] / [N - r(X)];$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}'\hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 tr(C^{22})] / q;$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = [\hat{p}'\hat{p} + \hat{\sigma}_e^2 tr(C^{33})] / s.$$

C^{22} e C^{33} advêm de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{21} & C_{31} \\ C_{12} & C_{22} & C_{32} \\ C_{13} & C_{23} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix}$$

em que

C = Matriz dos coeficientes das equações do modelo misto;

Tr = Operador traço matricial;

$r(X)$ = Posto da matriz X;

N = Número total de dados;

q = Número de indivíduos;

s = Número de parcelas.

Para o processamento dos dados foi utilizado o programa SELEGEN - Seleção Genética Computadorizada, desenvolvido pelo Centro Nacional de Pesquisa de Florestas da Embrapa - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, que utiliza técnicas de avaliação genética envolvendo simultaneamente a predição de valores genéticos e a estimação de componentes de variância. O procedimento adotado pelo aplicativo para predição de valores genéticos é o BLUP (melhor predição linear não viesada), utilizando estimativas de componentes de variância obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML). O programa emprega os modelos, estimadores e preditores apresentados por Resende (2002b) e pode ser utilizado para plantas alógamas, autógamias e com sistema reprodutivo misto.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para iniciar o processo iterativo, foram fornecidos valores iniciais para $\hat{h}_g^2 = 0,40$ e para $\hat{c}^2 = 0,10$. Após processamento pelo SELEGEN, foram obtidos os seguintes resultados de componentes de variância, valor fenotípico, herdabilidade e coeficiente de correlação intraclasses (Tabela 1).

Tabela 1. Estimativas de componentes de variância ($\sigma_g^2, \sigma_p^2, \sigma_c^2$), variância fenotípica (σ^2), herdabilidade (h_g^2), coeficiente de correlação intraclasses (c^2) e média geral, obtidas com o programa SELEGEN.

(Estimates of variance components ($\sigma_g^2, \sigma_p^2, \sigma_c^2$), phenotypic variance (σ^2), heritability, (h_g^2), intra-class coefficient of correlation (c^2) and general mean, obtained with the SELEGEN system)

Estadística	Estimativa
σ_g^2	0,01276
σ_p^2	0,00359
σ_c^2	0,01123
σ_f^2	0,02759
h_g^2	0,46256
c^2	0,13030
Média Geral	0,27889

As estimativas do coeficiente de herdabilidade ($h_g^2 = 0,46$) evidencia bom controle genético na expressão dos caracteres e mostra grande potencial para seleção dentro do experimento, com boas perspectivas de avanço genético.

O desvio padrão da herdabilidade, obtido através da fórmula de Falconer (1989), foi igual a 0,11. Resende (2002a) cita que os desvios padrão da ordem de até 20% do valor da herdabilidade seriam desejáveis para uso na predição de valores genéticos. No presente estudo, o desvio padrão obtido para correspondeu a 23% de seu valor, muito próximo do recomendado por Resende (2002a). Já o coeficiente de correlação intraclasses ficou dentro de grandeza aceitável (10%), também proposto por Resende (2002a).

O vetor de soluções das equações de modelos mistos processadas pelo SELEGEN apresenta os efeitos genotípicos preditos para os 312 clones testados. A Tabela 2 apresenta os efeitos genotípicos preditos, valores genotípicos, ganhos genéticos, média da população melhorada e valores fenotípicos dos clones com desempenho relativo superior a 80%.

Tabela 2. Resultados apresentados pelo programa SELEGEN para os clones com desempenho relativo superior a 80%.

(Results presented by the SELEGEN system for the clones with superior relative action at 80%).

Clone	Efeito Genotípico	Valor Genotípico	Ganho	Nova Média	Valor Fenotípico	Desempenho Relativo (%)
865	0,31	0,59	0,31	0,59	0,63	100
1028	0,29	0,57	0,3	0,58	0,61	98,3
975	0,27	0,54	0,29	0,57	0,58	96,6
1016	0,26	0,54	0,28	0,56	0,59	94,9
986	0,24	0,52	0,27	0,55	0,55	93,2
925	0,24	0,52	0,27	0,55	0,53	93,2
1006	0,23	0,51	0,26	0,54	0,53	91,5
831	0,21	0,49	0,26	0,54	0,55	91,5
1072	0,21	0,49	0,25	0,53	0,51	89,8
880	0,2	0,48	0,25	0,53	0,52	89,8
931	0,19	0,47	2,04	0,52	0,5	88,1
7	0,19	0,47	0,24	0,52	0,5	88,1
919	0,19	0,47	0,23	0,51	0,49	86,4
229	0,18	0,46	0,23	0,51	0,52	86,4
928	0,18	0,46	0,23	0,51	0,49	86,4
981	0,18	0,46	0,22	0,50	0,48	84,7
1023	0,18	0,46	0,22	0,50	0,48	84,7
1052	0,17	0,45	0,22	0,50	0,47	84,7
1014	0,16	0,44	0,21	0,49	0,45	83,1
955	0,16	0,44	0,21	0,49	0,47	83,1
1044	0,16	0,43	0,21	0,49	0,47	83,1
945	0,15	0,43	0,21	0,49	0,46	83,1
322	0,15	0,43	0,20	0,48	0,45	81,4
43	0,15	0,43	0,20	0,48	0,45	81,4
1083	0,15	0,43	0,20	0,48	0,45	81,4
832	0,15	0,43	0,20	0,48	0,45	81,4

Os valores genotípicos de cada clone foram obtidos somando-se cada efeito genotípico à média geral do experimento. O ganho genético equivale à média dos vetores dos efeitos genéticos preditos para os clones selecionados. A média geral somada ao ganho genético resulta na média da população melhorada. O desempenho relativo de cada clone foi obtido pela relação entre as médias da população melhorada de cada clone e a média do clone de maior valor genético. Foram acrescentados, na listagem, os valores fenotípicos de cada clone, correspondentes aos valores observados no experimento.

A testemunha 373 ocupou a posição 51 com valor genotípico igual a 0,39 m³ e desempenho relativo de 74,58%. O clone 361 ocupou a posição 119 no ranking com valor genotípico igual a 0,32 m³. Seu desempenho relativo foi de apenas 66,10%. Do total, 26 clones apresentaram desempenho relativo superior a 80%, sendo, portanto, selecionados para propagação.

A relação dos clones selecionados em função dos valores genotípicos obtidos para a variável Volume é apresentada na Tabela 3. Do total de

312 clones foram selecionados 23 procedentes de Aracruz (*E. urograndis*), dois de Avaré (Híbridos de *E. urophylla*) e um originário de Cardwell, Austrália (*E. grandis* puro). A seleção de 26 clones correspondeu a 8,0% do material testado.

Todos os clones selecionados apresentaram desempenho relativo superior ao das testemunhas. A seleção da grande maioria de material genético oriundo de Aracruz deve-se ao fato das condições edafo-climáticas serem semelhantes às do local do experimento. Observou-se, também, que 95% do material selecionado corresponde ao híbrido entre *E. urophylla*, que apresenta boa resistência ao cancro, e *E. grandis*, que possui características de alta produtividade em condições ambientais favoráveis, desrama natural e ótima qualidade para produção de celulose.

Selecionando-se os clones com desempenho relativo superior a 80%, espera-se uma nova média de volume igual a 0,519 m³, correspondendo a um aumento de 22,8% em relação à média das testemunhas (clones de *E. grandis*, origem Rio Claro), que foi de 0,415 m³, e ganho de 36,8% em relação à média do experimento, que foi equivalente a 0,380 m³.

Tabela 3. Clones selecionados em função do melhor desempenho relativo. (Clones selected in function of the best relative acting)

Clone	Efeito Genotípico	Valor Genotípico	Ganho	Nova Média	Valor Fenotípico	Desempenho Relativo (%)
865	0,31	0,59	0,31	0,59	0,63	100,00
1028	0,29	0,57	0,30	0,58	0,61	98,30
975	0,27	0,54	0,29	0,57	0,58	96,60
1016	0,26	0,54	0,28	0,56	0,59	94,90
986	0,24	0,52	0,27	0,55	0,55	93,20
925	0,24	0,52	0,27	0,55	0,53	93,20
1006	0,23	0,51	0,26	0,54	0,53	91,50
831	0,21	0,49	0,26	0,54	0,55	91,50
1072	0,21	0,49	0,25	0,53	0,51	89,80
880	0,20	0,48	0,25	0,53	0,52	89,80
931	0,19	0,47	2,04	0,52	0,50	88,10
7	0,19	0,47	0,24	0,52	0,50	88,10
919	0,19	0,47	0,23	0,51	0,49	86,40
229	0,18	0,46	0,23	0,51	0,52	86,40
928	0,18	0,46	0,23	0,51	0,49	86,40
981	0,18	0,46	0,22	0,50	0,48	84,70
1023	0,18	0,46	0,22	0,50	0,48	84,70
1052	0,17	0,45	0,22	0,50	0,47	84,70
1014	0,16	0,44	0,21	0,49	0,45	83,10
955	0,16	0,44	0,21	0,49	0,47	83,10
1044	0,16	0,43	0,21	0,49	0,47	83,10
945	0,15	0,43	0,21	0,49	0,46	83,10
322	0,15	0,43	0,20	0,48	0,45	81,40
43	0,15	0,43	0,20	0,48	0,45	81,40
1083	0,15	0,43	0,20	0,48	0,45	81,40
832	0,15	0,43	0,20	0,48	0,45	81,40

CONCLUSÕES

A seleção dos melhores clones pelo método REML/BLUP mostrou-se eficiente resultando em ganho de 22,8% em relação à média das testemunhas e de 36,8% em relação à média do experimento.

Foram selecionados 23 clones procedentes de Aracruz (*E. urograndis*), dois de Avaré (Híbridos de *E. urophylla*) e um originário de Cardwell, Austrália (*E. grandis* puro).

AUTORES

Carlos Henrique Garcia é Gerente de Planejamento da Ferro Gusa Carajás. Rua Rafael de Almeida Ribeiro, 600. Imperatriz, MA. CEP 65903-405. E-mail: carlos.garcia@cvrd.com.br. A publicação refere-se ao trabalho de dissertação para obtenção do título de Mestre em Agronomia na área de Estatística e Experimentação Agronômica.

Maria Cristina Stolf Nogueira é Professora Titular do Departamento de Ciências Exatas da ESALQ / USP – Caixa Postal 9 – Piracicaba, SP – 13400-970 – E-mail: mcsnogue@esalq.usp.br

REFERÊNCIAS

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 3.ed. Harlow: Longman, 1989. 438 p.

LOPES, P.S.; MARTINS, E.N.; SILVA, M.A; REGAZZI, A.J. Estimación de componentes de variância. **CADERNOS Didáticos**, Viçosa, n.39, 1998.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Bio-metrika**, v.58, p.545-554, 1971.

RESENDE, M.D.V. Análise estatística de modelos mistos via REML/IBLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. **Documentos Embrapa Florestas**, Colombo, n.47, p.1-101, 2000.

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002a.

RESENDE, M.D.V. Software Selegen – REML/BLUP. **Documentos Embrapa Florestas**, Colombo, n.77, dez. 2002b.

RESENDE, M.D.V.; ARAÚJO, A.J. Modelo genético-estatístico para estimação de componentes de variação genética e parâmetros genéticos em testes de progênies com indivíduos repetidos clonalmente. **Floresta**, Curitiba, v.23, n.1/2, p.35-45, jul./dez.1993.