

NOTAS CIENTÍFICAS

COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS EM SERINGUEIRA PELA METODOLOGIA DE MODELOS MISTOS (REML/BLUP)¹

ANTONIO NASCIM KALIL FILHO², MARCOS DEON VILELA DE RESENDE²
e GEOVANITA PAULINO DA COSTA KALIL³

RESUMO - Este trabalho objetivou estimar parâmetros genéticos e prever os valores genéticos aditivos e genotípicos de clones amazônicos de seringueira em relação a características de qualidade da borracha e do látex a partir de genealogia envolvendo 15 clones e 250 rametes. As estimativas de herdabilidade no sentido amplo, \hat{h}_a^2 , foram de 0,4152 e 0,6357, com relação a teores de borracha seca e plasticidade após 30 minutos, respectivamente, o que torna possível obter altos ganhos genéticos via seleção clonal. Os clones IAN 873 e Fx 3899 apresentaram os maiores valores genéticos aditivos e genotípicos em relação a teores de borracha seca, enquanto o clone IAN 6158 destacou-se quanto aos valores genotípicos relativos às características de plasticidade após 30 minutos, e índice de retenção da plasticidade.

VARIANCE COMPONENTS AND PREDICTION OF GENETIC VALUES IN RUBBER TREE CLONES BY THE MIXED MODEL METHODOLOGY (REML/BLUP)

ABSTRACT - This paper aims to estimate genetic parameters and predict additive genetic and genotypic values from Amazonian rubber tree clones for characteristics associated to rubber and latex quality based in genealogy of 15 clones and 250 ramets. The estimates from heritability in the wide sense (\hat{h}_a^2) were 0.4152 and 0.6357 for dry rubber content (DRC) and plasticity after 30 minutes (P_{30}), respectively, what makes possible to obtain high genetic gains by clonal selection. Clones IAN 873 and Fx 3899 presented the highest additive genetic and genotypic values for DRC, while clone IAN 6158 presented the highest genotypic values for P_{30} and plasticity retention index (PRI) characteristics.

O melhoramento genético da seringueira no Brasil, desde seu primórdio, na década de 30, tem centrado a seleção em características ligadas à resistência ao mal-das-folhas, causada pelo *Microcyclus ulei* P. Henn (V. Arx.), e à produ-

¹ Aceito para publicação em 24 de julho de 2000.

² Eng. Agrôn., Dr., Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Florestas (CNPf), Caixa Postal 319, CEP 83411-000 Colombo, PR. E-mail: kalil@cnpf.embrapa.br, deon@cnpf.embrapa.br

³ Eng. Agrôn., M.Sc., Rua Nicaragua, 444, ap. 21B, Bacacheri, CEP 82515-260 Curitiba, PR. Bolsista do CNPq. E-mail: yuhx@hotmail.com

tividade de borracha (Paiva & Gonçalves, 1989; Gonçalves et al., 1997). Neste sentido, têm sido obtidos híbridos oriundos de cruzamentos interespecíficos entre *Hevea brasiliensis*, *H. benthamiana* e *H. pauciflora*. Entretanto, nenhum estudo foi realizado a respeito do controle genético de características da qualidade da borracha e do teor de borracha (DRC) do látex destas espécies, as quais são relevantes durante o armazenamento e processamento na indústria de pneumáticos, que consome aproximadamente 80% da borracha natural produzida. O método de modelos mistos (Henderson, 1984) é um instrumento flexível para a estimativa de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos, pois pode ser aplicada a dados desbalanceados e provenientes de diferentes gerações. O procedimento REML/BLUP (estimativa de parâmetros genéticos por máxima verossimilhança restrita – REML – e predição de valores genéticos pelo procedimento da melhor predição linear não viciada – BLUP) parece não ter sido ainda aplicado ao melhoramento genético da seringueira no Brasil e no exterior.

Este trabalho teve como objetivo o emprego do método de modelos mistos (REML/BLUP) na estimativa de parâmetros genéticos, e a predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos de clones amazônicos de seringueira.

O material utilizado constou de sete clones amazônicos de seringueira, cujas ancestralidades e espécies envolvidas nos cruzamentos estão apresentadas na Tabela 1.

As amostras de látex foram coletadas no campo experimental da Embrapa-Centro de Pesquisa Agroflorestal da Amazônia Ocidental, em Manaus, AM, durante o período de um ano (1986/1987). Foram coletadas amostras de clones associados a uma genealogia de 15 clones e 250 rametes. No laboratório, foram preparadas folhas claras brasileiras (FCB), coagulando-se o látex com ácido acético a 2% e, em seguida, deixando-se em estufa a 70°C por 48 horas. As determinações das características do látex e da borracha foram efetuadas segundo as normas da ISO 2000, seguindo-se os métodos recomendados pela ASTM (American Society of Testing and Materials, 1974).

As características avaliadas de teor de borracha seca (DRC), extrato cetônico (EC), plasticidade Wallace (P_0), plasticidade após 30 minutos (P_{30}) e índice de retenção de plasticidade (PRI) acham-se na Tabela 2.

Os parâmetros populacionais de interesse na análise genética de caracteres quantitativos em seringueira são apresentados na Tabela 2.

TABELA 1. Clones amazônicos, ancestralidade e espécies envolvidas nos cruzamentos.

Clone	Parentais	Espécies
IAN 873	PB 86 x FA 1717	<i>H. brasiliensis</i> x <i>H. brasiliensis</i>
Fx 4098	PB 86 x FB 74	<i>H. brasiliensis</i> x <i>H. brasiliensis</i>
Fx 3899	F 4542 x AV 363	<i>H. benthamiana</i> x <i>H. brasiliensis</i>
IAN 717	PB 86 x F 4542	<i>H. brasiliensis</i> x <i>H. benthamiana</i>
Fx 3810	F 4542 x AV 363	<i>H. benthamiana</i> x <i>H. brasiliensis</i>
IAN 6158	(F 4542 x Tjir 1) x PB 86	(<i>H. benthamiana</i> x <i>H. brasiliensis</i>) x <i>H. brasiliensis</i>
IAN 6543	P 10 x PB 86	<i>H. pauciflora</i> x <i>H. brasiliensis</i>

O método de modelos mistos ou BLUP individual (Resende et al., 1996, 1999; Resende & Fernandes, 1999) introduziu modificações na estimação de componentes de variância e de parâmetros genéticos. Anteriormente, as covariâncias entre parentes eram estimadas e interpretadas em termos de suas esperanças matemáticas (igualando-as aos seus valores esperados), gerando os componentes de variância. Atualmente, os componentes de variância podem ser estimados diretamente como as variâncias dos efeitos aleatórios do modelo linear misto.

O método da máxima verossimilhança restrita (REML) sob modelo individual tornou-se o método-padrão para a estimativa de componentes de variância e parâmetros genéticos a partir de dados desbalanceados. A preferência por este método decorre de suas propriedades estatísticas, superiores às propriedades dos estimadores de quadrados mínimos e de máxima verossimilhança (Searle et al., 1992). Para a estimativa dos parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos empregou-se o “software” DFREML (Meyer, 1998).

Na Tabela 3 estão apresentadas as estimativas de herdabilidade no sentido restrito e no sentido amplo e as variâncias associadas às características de

TABELA 2. Estimativas de parâmetros populacionais associadas a caracteres quantitativos, suas variâncias, parâmetros genéticos (coeficientes de determinação).

Estimativas	Notação	Variância	Coefficiente de determinação ¹	Preditores
Valor fenotípico	$\hat{f} = \hat{\mu} + \hat{a} + \hat{d} + \hat{e}$	$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_e^2$	1	-
Efeito aditivo	\hat{a}	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{h}^2 = \hat{\sigma}_a^2 / \hat{\sigma}_f^2$	\hat{a}
Efeito de dominância	\hat{d}	$\hat{\sigma}_d^2$	$\hat{d}^2 = \hat{\sigma}_d^2 / \hat{\sigma}_f^2$	\hat{d}
Efeito genotípico	$\hat{g} = \hat{a} + \hat{d}$	$\hat{\sigma}_g^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_d^2$	$\hat{h}_a^2 = (\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_d^2) / \hat{\sigma}_f^2$	\hat{g}
Média genotípica	$\hat{\mu}$	-	-	$\hat{\mu}$
Valor genético aditivo	$\hat{\mu} + \hat{a}$	$\hat{\sigma}_a^2$	\hat{h}^2	$\hat{\mu} + \hat{a}$
Valor genotípico	$\hat{\mu} + \hat{a} + \hat{d}$	$\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_d^2$	\hat{h}_a^2	$\hat{\mu} + \hat{g}$

¹ \hat{h}^2 e \hat{h}_a^2 : Herdabilidades no sentido restrito e amplo, respectivamente.

TABELA 3. Estimativas de herdabilidade no sentido restrito (\hat{h}^2), herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_a^2), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), variância dos efeitos de dominância ($\hat{\sigma}_d^2$), variância de ambiente permanente ($\hat{\sigma}_p^2$) e variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) associadas aos caracteres de teor de borracha seca (DRC), extrato cetônico (EC), plasticidade Wallace (P_0), plasticidade após 30 minutos (P_{30}) e índice de retenção de plasticidade (PRI) obtidos a partir de uma genealogia envolvendo quinze clones e 250 rametes de seringueira.

Estimativa	DRC	EC	P_0	P_{30}	PRI
\hat{h}^2	0,1025	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
\hat{h}_a^2	0,4152	0,0560	0,0000	0,6357	0,1096
$\hat{\sigma}_a^2$	2,1429	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
$\hat{\sigma}_d^2$	6,5396	0,0151	0,0000	75,9003	17,8658
$\hat{\sigma}_p^2$	12,2324	0,2559	225,8424	43,4943	145,0890
$\hat{\sigma}_f^2$	20,9149	0,2711	225,8424	119,3996	162,9551

qualidade de borracha e de teor de DRC no látex de clones amazônicos de seringueira.

A herdabilidade no sentido restrito para o DRC (teor de borracha no látex) foi baixa (0,1025) e nula para as demais características. Este fato revela que o melhoramento destes caracteres por via sexuada em uma população composta por estes clones não conduzirá a ganhos genéticos, exceto com relação a DRC, sendo, portanto, impraticável.

No sentido amplo, considerando-se as variâncias aditiva e dominante, as herdabilidades atingiram valores de 0,4152 para DRC e 0,6357 com relação a P₃₀ (plasticidade após 30 minutos), o que significa que selecionando-se para estas características e clonando-se o material selecionado, poderão ser maximizados os ganhos genéticos. Em outras palavras, as estimativas de herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_a^2) relativas às características DRC e P₃₀ permitem os melhores progressos genéticos associados à clonagem de materiais selecionados. As variâncias de dominância do DRC e P₃₀ apresentaram as maiores magnitudes. As demais características apresentam valores nulos ou baixos de herdabilidade no sentido restrito (\hat{h}^2) e no sentido amplo (\hat{h}_a^2), indicando que as mesmas não responderão à seleção.

As estimativas dos efeitos aditivos (\hat{a}), valores genéticos aditivos associados ao DRC, efeitos genotípicos (\hat{g}) e valores genotípicos ($\hat{\mu}$, \hat{a} , \hat{d}) relativos às características DRC, P₃₀ e PRI de sete clones amazônicos de seringueira e seus genitores são apresentadas na Tabela 4. Todos os efeitos e valores genéticos aditivos e genotípicos relativos a característica EC (extrato cetônico) foram nulos, pois \hat{h}^2 e \hat{h}_a^2 foram nulas em relação a este caráter.

Os clones IAN 873 e Fx 3899 apresentaram os maiores valores genéticos com relação a DRC. Os dois primeiros clones também apresentaram os maio-

TABELA 4. Predição dos efeitos aditivos (\hat{a}), valores genéticos aditivos ($\hat{\mu} + \hat{a}$), efeitos genotípicos (\hat{g}) e valores genotípicos ($\hat{\mu} + \hat{g}$) das características teor de borracha seca (DRC), plasticidade após 30 minutos (P₃₀) e índice de retenção de plasticidade (PRI) de sete clones amazônicos e seus genitores¹.

Clones	DRC		DRC		P ₃₀		PRI	
	\hat{a}	$\hat{\mu} + \hat{a}$	\hat{g}	$\hat{\mu} + \hat{g}$	\hat{g}	$\hat{\mu} + \hat{g}$	\hat{g}	$\hat{\mu} + \hat{g}$
IAN 873	0,5193	37,4105	3,2526	40,1438	6,7	56,3579	2,0	41,75
Fx 3899	0,7077	37,5989	2,8484	39,7396	1,5	51,1579	0,4	40,15
IAN 717	0,2323	37,1234	1,1774	38,0686	-7,8	41,8579	-4,5	35,25
IAN 6158	0,3060	37,1971	0,6155	37,5067	11,3	60,9579	4,4	44,15
IAN 6543	-0,8905	36,0000	-3,8932	32,9980	13,0	36,6579	-5,2	34,55
Fx 3810	0,2605	37,1517	-0,3285	36,5627	-3,5	46,1579	1,0	40,75
Fx 4098	-0,7760	36,1152	-3,3129	33,5784	4,7	54,3579	1,7	41,45
Genitores								
PB 86	-0,3050	36,5862						
FA 1717	0,4478	37,3390						
FB 74	-0,4157	36,4755						
F 4542	0,4598	37,3510						
AV 363	0,2542	37,1454						
Fx 43-655	0,0507	36,9419						
PB 186	0,0000	36,8912						
P 10	-0,4920	36,3993						

¹ $\hat{\mu}$ (média geral): DRC = 36,89; P₃₀ = 49,66; PRI = 39,75.

res valores genotípicos quanto ao DRC. O clone FA 1717 foi o que mais contribuiu com efeitos aditivos ao IAN 873, enquanto o F 4542 foi o que mais contribuiu com efeitos aditivos ao Fx 3899.

Os clones IAN 873 e Fx 3899, por apresentarem os maiores efeitos e valores genotípicos com relação ao DRC, constituem clones que respondem melhor à seleção genética, tanto sexuada como assexuada. A seleção destes dois clones conduzirá a um ganho genético de 8,3% (39,9417/36,89) com relação à variável DRC. O clone IAN 6158 apresentou os maiores valores genotípicos para P_{30} (60,9579) e para PRI (44,15).

De maneira geral, considerando as variáveis de qualidade da borracha, os melhores clones são o IAN 873 para DRC e IAN 6158 para P_{30} e PRI.

Em termos metodológicos, deve-se ressaltar a grande utilidade e flexibilidade do método de modelos mistos, o qual tornou possível uma completa estimativa e predição, em uma situação de grande desbalanceamento de dados.

REFERÊNCIAS

- AMERICAN SOCIETY OF TESTING AND MATERIALS (Conshohocken, Estados Unidos). **Annual book of ASTM standards**. Philadelphia, 1974. v.34.
- GONÇALVES, P.S.; ORTOLANI, A.A.; CARDOSO, M. **Melhoramento genético da seringueira: uma revisão**. Campinas : Instituto Agronômico, 1997. 55p. (IAC. Documentos, 54).
- HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph : University of Guelph, 1984. 462p.
- MEYER, K. DFREML: version 3.0b: user notes. Armidale : Institute of Animal Genetics of Edinburgh/Animal Genetics and Breeding Unit of the University of New England, 1998. 31p.
- PAIVA, J.R. de; GONÇALVES, P. de S. **Eficiência do programa de melhoramento da seringueira no Centro Nacional de Pesquisa de Seringueira e Dendê: nove anos de experiências**. Manaus : Embrapa-CNPQSD, 1989. p.1-41. (Boletim de Pesquisa, 2).
- RESENDE, M.D.V. de; FERNANDES, J.S.C. Procedimento BLUP individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v.17, p.89-107, 1999.
- RESENDE, M.D.V. de; FERNANDES, J.S.C.; SIMEÃO, R.M. BLUP individual multivariado em presença de interação genótipo x ambiente para delineamentos experimentais repetidos em vários ambientes. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v.17, p.211-230, 1999.
- RESENDE, M.D.V. de; PRATES, D.F.; JESUS, A.; YAMADA, C.K. Estimção de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em Pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, v.32/33, p.18-45, 1996.
- SEARLE, S.R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C.E. **Variance components**. 2.ed. New York : J. Willey, 1992. 528p.