



VINICIUS GONTIJO RODRIGUES ROQUE

**ESTRATÉGIAS DE AVALIAÇÃO DE EXPERIMENTOS DE
EUCALIPTO NO VALE DO JARI NA AMAZÔNIA**

**LAVRAS – MG
2018**

VINICIUS GONTIJO RODRIGUES ROQUE

**ESTRATÉGIAS DE AVALIAÇÃO DE EXPERIMENTOS DE EUCALIPTO NO VALE
DO JARI NA AMAZÔNIA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

Profa. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves
Orientadora

**LAVRAS – MG
2018**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca Universitária da UFLA,
com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Roque, Vinicius Gontijo Rodrigues.

Estratégias de avaliação de experimentos de eucalipto no Vale do
Jari na Amazônia / Vinicius Gontijo Rodrigues Roque. – 2018.

53 p. : il.

Orientadora: Flávia Maria Avelar Gonçalves.

Dissertação (Mestrado acadêmico) - Universidade Federal de
Lavras, 2018.

Bibliografia.

1. Testes clonais. 2. Valores genéticos. 3. Modelos mistos. 4.
Melhoramento genético de eucalipto. I. Gonçalves, Flávia Maria
Avelar. II. Título.

VINICIUS GONTIJO RODRIGUES ROQUE

**ESTRATÉGIAS DE AVALIAÇÃO DE EXPERIMENTOS DE EUCALIPTO NO VALE
DO JARI NA AMAZÔNIA**

**EUCALYPTUS EXPERIMENT EVALUATION STRATEGIES IN VALE DO JARI IN
THE AMAZON**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 22 de maio de 2018.

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Prof. Dr. Evandro Vagner Tambarussi

UFLA
UNICENTRO

Profa. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves
Orientadora

**LAVRAS – MG
2018**

À minha mãe Geralda, meu exemplo de força, alegria e amor.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Lavras e, em especial, ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas por tornar a realização deste trabalho possível.

À minha orientadora Professora Flávia, pelos ensinamentos, paciência e compreensão e ao Professor José Airton pela sua grande ajuda nesta dissertação e pelas ótimas disciplinas que ele ministrou no decorrer do meu mestrado. Também aos professores, Magno e Elaine, por todos os conhecimentos transmitidos.

Ao amigo Vitor Passos pelas risadas e enorme ajuda nas análises.

Aos amigos de minha turma de mestrado, pelas inúmeras horas de estudos fervorosos durante o dia todo e pela madrugada inteira. Muito obrigado, seus apáticos!

À empresa Grupo Resinas Brasil, pela oportunidade e incentivo. Em especial, aos amigos, Denílson Ferreira, José Jorge, Demerval, Eduardo e toda a equipe de Pesquisa e Viveiro Florestal.

À empresa Jari Celulose, pela concessão dos dados, pelos ensinamentos e momentos que ali vivi e pelos grandes amigos que levo comigo até hoje.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico pela concessão da bolsa.

Aos meus amigos melhoristas espalhados por esse mundão afora.

Aos meus irmãos Lucas e Nayara, meu sobrinho Carlos e a meu querido Pai Geraldo por serem minha inspiração.

A todos os meus queridos amigos que sempre levo na memória e coração.

À minha noiva Rafaella, pelo amor, ajuda e companheirismo.

Aos meus queridos avós pelo incentivo e exemplo de vida.

À banca, pela disponibilidade e contribuições para a melhoria deste trabalho.

A TODOS VOCÊS, MEUS SINCEROS AGRADECIMENTOS!

RESUMO

Diversos são os desafios a serem superados pelo setor florestal tanto no âmbito global como nacional, em razão da crescente demanda causada pelo aumento populacional e da diversificação ambiental das áreas de plantios comerciais, atribuída à ocorrência de mudanças climáticas e à expansão florestal, que agrega incertezas na produção, quando consideramos diversos cenários, ao longo do tempo. Neste contexto, melhorias na eficiência de seleção de clones superiores de eucalipto têm caráter estratégico, o que pode ser alcançado pela adoção de modelos e/ou abordagens de análise mais robustas e acuradas. Desta forma, neste estudo, objetivou-se avaliar a eficiência da utilização dos modelos mistos na predição dos valores genéticos de clones de eucalipto, usando diferentes estruturas de matrizes de covariâncias residuais, para ensaios multiambientes com medidas repetidas. Os dados utilizados foram obtidos por testes clonais pertencentes ao programa de melhoramento genético do grupo Jari, plantados em três ambientes com 90 clones híbridos das seguintes espécies: *Eucalyptus platyphylla*; *Eucalyptus grandis*; *Eucalyptus urophylla*; *Eucalyptus wetarensis*; *Eucalyptus tereticornis*; *Eucalyptus camaldulensis* e *Eucalyptus globulus*. As características mensuradas, aos três e seis anos de idade, foram circunferência à altura do peito, altura e incremento médio anual em volume de madeira. Os dados foram analisados pela abordagem de modelos mistos, e a escolha do modelo foi realizada de acordo com o critério de informação bayesiano (BIC). Concluiu-se que, para todas as variáveis analisadas, o ajuste via modelos mistos foi o mais adequado, pois resultou em menor erro de predição e melhor estrutura de covariâncias para este conjunto de dados. O BIC indicou que, dentre as três estruturas de covariâncias residuais testadas, a mais adequada para as variáveis analisadas foi a simetria composta (CS), que pressupõe que as variâncias residuais são homogêneas e as covariâncias constantes.

Palavras-chave: Testes clonais. Valores genéticos. Modelos mistos. Melhoramento genético de eucalipto.

GENERAL

The forest sector has several challenges to overcome in the global and national perspectives, such as the demand for forest products due to the increasing in global population and the effect of climate changes, which cause uncertainty on planning and bring insecurity to the forest business. In this context, improving the techniques for selecting superior individuals is strategic, and can be done by using more powerful and accurate models/approaches. Thus, the goal of this study was to assess the efficiency of model mixed use on genetic parameter predictions and to study the accuracy of genetic values for eucalyptus clones using different residual covariance matrixes in trials with different environments using longitudinal data. Data from a clonal test belonging to the breeding program of the company Jari was used, belonging to three sites with 90 hybrid clones with the following species: *Eucalyptus platyphylla*; *Eucalyptus grandis*; *Eucalyptus urophylla*; *Eucalyptus wetarensis*; *Eucalyptus tereticornis*; *Eucalyptus camaldulensis* and *Eucalyptus globulus*. The trial was assessed twice, at three and six years of age, evaluating three variables: girth at breast height, height and mean annual increment in wood volume. Data was analyzed by the mixed model approach and the model selection was made using the bayesian information criterion (BIC). For all evaluated variables, the mixed model was the best approach, since it caused the reduction of error of prediction and better covariance structure for the dataset. According to BIC, among the three tested residual covariance structures, the best covariance structure was the composed symmetry (CS), which assumes that variances are homogeneous and covariances are constant.

Key-words: Clonal test. Genetic values. Mixed models. Genetic improvement of Eucalyptus.

LISTA DE TABELAS

SEGUNDA PARTE – ARTIGO

Tabela 1 -	Tipos de solo dos ambientes dos testes clonais.	35
Tabela 2 -	Quadrado médio do erro (QME) para as análises realizadas por medição e ambiente e os valores do teste Hartley para as características CAP, altura e IMA.....	39
Tabela 3 -	Análise de variância conjunta para dados de circunferência à altura do peito (CAP), altura total (h) e incremento médio anual (IMA) dos testes clonais pertencentes à Jari celulose, localizados em Almeirim, Pará, Brasil.....	40
Tabela 4 -	Componentes de variância, para a estrutura de simetria composta, para dados de circunferência à altura do peito (CAP), altura total (h) e incremento médio anual (IMA) de testes clonais, localizados em Almeirim, Pará, Brasil.....	42
Tabela 5 -	Componentes de variância, para o modelo ⁷¹ do software Selegen (RESENDE, 2002), admitindo a estrutura de simetria composta para circunferência à altura do peito (CAP), altura total (h) e incremento médio anual (IMA) de testes clonais, localizados em Almeirim, Pará, Brasil.	42
Tabela 6 -	Componentes de variância, adotando o modelo não estruturado (UN), para dados de circunferência à altura do peito (CAP), altura total (h) e incremento médio anual (IMA) de testes clonais, localizados em Almeirim, Pará, Brasil.....	42
Tabela 7 -	Critério de informação Bayesiano, para os modelos avaliados, considerando as variáveis circunferência à altura do peito (CAP), altura total (h) e incremento médio anual (IMA), para dados de testes clonais pertencentes à Jari celulose, localizados em Almeirim, Pará, Brasil.	44
Tabela 8 -	Acurácia seletiva para as variáveis circunferência à altura do peito (CAP), altura total (h) e incremento médio anual (IMA), para dados de testes clonais, localizados em Almeirim, Pará, Brasil.....	45
Tabela 9 -	Correlação de Pearson entre os modelos para as variáveis circunferência à altura do peito (CAP), altura total (h) e incremento médio anual (IMA) dos testes clonais de <i>Eucalyptus</i> sp. pertencentes à Jari celulose, localizados em Almeirim, Pará, Brasil.	46

Tabela 10 - Índice de coincidência para as variáveis circunferência à altura do peito (CAP), altura total (h) e incremento médio anual (IMA), para dados de testes clonais de <i>Eucalyptus</i> sp. pertencentes à Jari celulose, localizados em Almeirim, Pará, Brasil.	47
---	----

SUMÁRIO

	PRIMEIRA PARTE	11
1	INTRODUÇÃO GERAL	11
2	REFERENCIAL TEÓRICO	13
2.1	O melhoramento genético do gênero <i>Eucalyptus</i> no Brasil	13
2.2	Modelos mistos, método da máxima verossimilhança restrita e o método dos quadrados mínimos	16
2.3	Modelagem das variâncias residuais em experimentos multiambientais	20
	REFERÊNCIAS	25
	SEGUNDA PARTE – ARTIGO	30
	ARTIGO 1 - TRIAL ASSESSMENT APPROACHES FOR EUCALYPTUS PLANTED AT THE VALE DO JARI, AMAZONIA	30
1	INTRODUÇÃO	32
2	MATERIAL E MÉTODOS	34
2.1	Base de dados	34
2.2	Avaliações realizadas nos experimentos	35
2.3	Análises dos dados	35
2.4	Correlação de Pearson e índice de coincidência	38
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	39
3.1	Análises por medição, por ambiente e o teste Hartley	39
3.2	Análise conjunta para os modelos avaliados	40
3.2.1	Modelo fixo	40
3.2.2	Modelos mistos admitindo distintas estruturas de matriz residuais	41
3.3	Critério de informação Bayesiano (BIC) e acurácia seletiva	43
3.4	Alteração no ordenamento dos clones avaliados	45
4	CONCLUSÃO	49
	REFERÊNCIAS	50

PRIMEIRA PARTE

1 INTRODUÇÃO GERAL

Previsões estimam que até o ano 2050 a população mundial aumente em 2,5 bilhões de pessoas com relação a 2010 (GÜNERALP et al., 2017). O desafio de atender à crescente demanda mundial por bens de consumo (LAMBIN; MEYFROIDTB, 2011), inclusive, por produtos florestais deve ser levada em consideração pelo setor florestal e pesquisadores brasileiros como uma alternativa para dinamização da economia nacional. O potencial brasileiro para produção de florestas é inegável pelas características naturais de solo e clima do país, além da extensão territorial, sendo classificado como líder mundial em produtividade florestal no ano de 2016 (INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES - IBA, 2017). O gênero *Eucalyptus* é fator chave para este sucesso (CASTRO et al., 2016), já que nele concentram-se as principais espécies usadas na indústria de celulose e carvão.

O gênero *Eucalyptus* se consagrou como o principal gênero, para suprir esse mercado, em decorrência de diversas características tais como rápido crescimento e boa qualidade da madeira e celulose, ocupando 72,2% da área total de florestas plantadas no Brasil. A área florestal brasileira, em 2016, era de 7,84 milhões de hectares. Desse total, 5,7 milhões de hectares são plantadas com espécies do gênero *Eucalyptus*. Entre 2015 e 2016, ocorreu um aumento de 0,5% da área plantada com florestas de *Eucalyptus* e um aumento de 11,9% nas exportações da indústria de celulose (IBA, 2017).

Do ponto de vista do melhoramento genético, as espécies do gênero *Eucalyptus* apresentam alta adaptabilidade aos diversos ambientes de produção no Brasil. Além disso, deve-se considerar a ampla variabilidade genética existente, para variadas características silviculturais e de qualidade da madeira, atendendo aos mais distintos objetivos almejados pelos programas de melhoramento genético (ELDRIDGE, 1993; ZOBEL; JETT, 1995). Com isso, um expressivo progresso genético em produtividade tem sido alcançado com as atividades de melhoramento genético. Por exemplo, Ramalho et al. (2012) afirmam que o melhoramento genético trouxe a culturas anuais e perenes ganhos em torno de 50%. Contudo, em virtude da crescente demanda, há sempre a necessidade de otimização dos processos seletivos.

A melhoria na eficiência de seleção e maior assertividade na recomendação de clones de eucalipto requer o uso combinado de métodos de seleção apropriados, experimentação adequada em ensaios multiambientais e a adoção de métodos estatísticos acurados e robustos.

Métodos de seleção tais como seleção entre e dentro de famílias, seleção combinada e a seleção por modelos mistos, predizendo os valores genéticos via BLUP (melhor predição linear não viciada), têm sido usados com sucesso pelos programas de melhoramento genético de eucalipto (ROSADO et al., 2010); este último é considerado a melhor abordagem pela comunidade acadêmica (SCHMIT et al., 2015).

A abordagem de modelos mistos apresenta flexibilidades que a tornam especialmente apropriada ao contexto do melhoramento tanto de culturas anuais (SILVA; DUARTE; REIS, 2015) quanto de perenes como o eucalipto, com destaque para a modelagem da estrutura de covariâncias residuais. Por se tratar de uma espécie perene, são comuns as mensurações repetidas de características nas árvores, em diferentes idades, o que provoca o surgimento de covariâncias temporais, além da já existente covariância espacial (ANDRADE et al., 2016). Alguns autores, em estudos realizados com espécies perenes e semiperenes, têm demonstrado a importância desta modelagem na melhoria da eficiência de seleção. Por exemplo, Rosado et al. (2012) estimaram os parâmetros genéticos, usando modelos mistos (REML/BLUP) para eucalipto e obtiveram alta acurácia seletiva, para os caracteres DAP, altura e volume individual, indicando uma alta relação entre os valores genéticos preditos e os reais, o que resulta em segurança na seleção de clones geneticamente superiores.

Desta forma, neste estudo, objetivou-se avaliar a eficiência da utilização da abordagem de modelos mistos na predição dos valores genéticos de clones de eucalipto, usando diferentes modelos e estruturas de matrizes de covariâncias residuais, a partir de ensaios multiambientes com medidas repetidas.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 O melhoramento genético do gênero *Eucalyptus* no Brasil

O gênero *Eucalyptus* foi introduzido no Brasil, em 1904, por Edmundo Navarro de Andrade, por meio da Companhia Paulista de Estradas de Ferro (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015; CASTRO et al., 2016) com a missão de encontrar uma espécie apropriada, para fornecer madeira e carvão para a construção e manutenção da malha ferroviária brasileira. Este gênero teve ótima adaptação às condições climáticas brasileiras, o que levou, em 1967, à implementação do primeiro programa de melhoramento genético de eucalipto por Edmundo Navarro de Andrade e Dr. Carlos Arnaldo Krug, pesquisador do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), com foco no aumento da homogeneidade nos plantios, redução de falhas, maior fator de forma e aumento da produtividade (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015). Entretanto foi com a política de incentivos fiscais que os programas de melhoramento genético do eucalipto se intensificaram (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015; CASTRO et al., 2016), o que também impeliu o aumento da área plantada e o desenvolvimento de tecnologias em diversas partes do setor florestal e de áreas correlatas no Brasil. Na década de 80, a técnica de clonagem do eucalipto estava sendo aperfeiçoada e, a partir de então, foi largamente utilizada pelo setor privado, para a propagação de indivíduos superiores (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015), o que impulsionou ainda mais a cultura do Eucalipto no Brasil.

O gênero *Eucalyptus*, pertencente à família Myrtaceae, possui mais de 600 espécies, sendo o subgênero *Simphyomyrthus* o mais importante para o setor florestal brasileiro, composto por quatro secções: *Adnataria*, *Transversaria*, *Maidenaria* e *Exsertaria*, que são identificadas com base em suas diferenças morfológicas e reprodutivas (ARAÚJO; GIMENES; LOPES, 2002; FONSECA et al., 2010). A maioria destas espécies se reproduz, predominantemente, por alogamia (MORAN; BELL, 1983) e tem a Austrália como centro de origem, com exceção de poucas espécies nativas da Indonésia e Nova Guiné, como, por exemplo, *Eucalyptus urophylla* S. T. Blake, *Eucalyptus tereticornis* J. E. Smith, *Eucalyptus deglupta* Blume, *Eucalyptus pellita* F. Muell e *Eucalyptus brassiana* S. T. Blake.

Os programas de melhoramento genético de eucalipto no Brasil têm utilizado espécies da secção *Transversaria* (principalmente, *Eucalyptus grandis* W. Hill, *Eucalyptus urophylla*, *Eucalyptus pellita* e *Eucalyptus saligna* Sm.), para aumento do incremento em volume de madeira, motivo pelo qual espécies desta secção são as mais plantadas. Além disso, o *E. pellita* também é utilizado para o aumento da resistência a doenças foliares e densidade da

madeira. Já as espécies da secção *Maidenaria* (*Eucalyptus globulus* Labill., *Eucalyptus dunnii* Maiden e *Eucalyptus benthamii* Maiden et Cabbage) são muito importantes para a produção de celulose no Sul e Sudeste do país e são comumente utilizadas, nos programas de melhoramento, para aumento do rendimento em celulose, tolerância ao frio e redução do consumo de álcali na indústria de celulose por seu baixo teor de lignina. A secção *Exsertaria* compreende espécies como *Eucalyptus camaldulensis* Dehn. e *Eucalyptus tereticornis* Smith. Ambas possuem características interessantes, para o programa de melhoramento genético tais como alta densidade da madeira, resistência ao déficit hídrico, enraizamento e adaptação a solos pobres (FONSECA et al., 2010).

Atualmente, no Brasil, existem poucos plantios clonais com espécies das secções *Maidenaria* e *Exsertaria*, em razão do baixo incremento volumétrico de madeira e pouca disponibilidade de propágulos, em comparação com as espécies pertencentes à secção *Transversaria*. Geralmente, as espécies destas secções são utilizadas no desenvolvimento de híbridos interespecíficos com a secção *Transversaria*, (principalmente, com o *E. grandis* e *E. urophylla* pela sua alta produtividade e adaptabilidade), pois as secções *Maidenaria* e *Exsertaria* são fontes de genes que propiciam melhoria na qualidade da madeira e tolerância a fatores abióticos tais como frio e seca. Desta forma, a hibridação interespecífica, no melhoramento genético do eucalipto, é uma estratégia comumente utilizada para gerar características complementares em um único indivíduo, além de ocasionar grande heterose nos cruzamentos entre espécies diferentes e pais divergentes (ASSIS; BAUER; TAFAREL, 1993). Assim, após a obtenção do indivíduo com características desejadas, é necessário cloná-lo, para que a combinação genotípica alcançada não seja perdida e para que ela seja devidamente multiplicada. Assim sendo, o desenvolvimento da clonagem foi um grande passo na evolução da silvicultura do eucalipto, sendo comprovado pelo aumento da produtividade relatado nas últimas décadas. A clonagem atua como ferramenta, para multiplicação dos indivíduos superiores selecionados em testes de progênies ou seleção massal, aproveitando, assim, de forma rápida e eficiente, a heterose proporcionada pelos efeitos de dominância, divergência genética entre os parentais e a complementariedade dos locos efetivos. A importância desta conquista foi ainda maior pelo fato do gênero *Eucalyptus* ser predominantemente alógamo (MORAN; BELL; GRIFFIN, 1989), ou seja, todos os indivíduos são formados pela união ao acaso dos gametas e alelos, como se cada indivíduo formado fosse um híbrido simples (BISON et al., 2004).

Dessa forma, a evolução dos modos de propagação clonal atrelada ao uso de métodos acurados de seleção e estimativas de parâmetros genéticos possibilitou que os testes de

progênies e clonais se tornassem essenciais para a formação de florestas de alto rendimento em escala comercial. Isto causou impactos positivos também no setor industrial, em razão do aumento na qualidade da matéria-prima. Para manter o setor industrial produtivo e fortalecer o setor florestal brasileiro, as estratégias de melhoramento florestal têm evoluído ao longo do tempo. Inicialmente, a estratégia mais utilizada era a Seleção Recorrente Intrapopulacional com recombinação dos indivíduos selecionados em Áreas de Produção de Sementes e Pomares Clonais Testados. Contudo, a partir da comprovação dos efeitos de dominância e heterose, para o caráter volume de madeira, advindos do cruzamento de duas espécies distintas, a hibridação seguida pela clonagem passou a ser a tática mais utilizada para a geração de clones comerciais (ASSIS; ABAD; AGUIAR, 2015). Atualmente, o melhoramento genético se baseia na seleção de genitores e no cruzamento entre populações divergentes utilizando a Seleção Recorrente Recíproca e também a Seleção Recorrente Intrapopulacional em populações híbridas sintéticas com incorporação de clones pilotos no decorrer das gerações (SCHUMACHER; VIEIRA, 2016).

No estudo e seleção de indivíduos para o melhoramento, os parâmetros genéticos, definidos pelos componentes de variância, são ferramentas de importância crucial. Eles permitem comparar indivíduos ou variedades em diferentes gerações, anos agrícolas e ambientes; prever o valor genotípico de cada indivíduo; corrigir e isolar os efeitos ambientais para cada genótipo; conhecer o controle genético dos caracteres e qual o efeito gênico envolvido; aumentar a acurácia seletiva (FARIAS NETO; RESENDE, 2001); comparar as formas de seleção e o progresso genético; obter informações dos caracteres quantitativos e planejar estratégias de melhoramento mais eficientes (RAMALHO et al., 2012).

Os programas de melhoramento de eucalipto no Brasil que visam ao aumento da produtividade em volume de madeira realizam a estimação dos parâmetros genéticos e seleção dos indivíduos ou clones, por meio da mensuração das variáveis: circunferência à altura do peito (CAP) e da altura das árvores. De posse destas duas informações, o volume de madeira por árvore é calculado por meio de equações pré-estabelecidas pela empresa. Com os dados de volume, idade e espaçamento entre árvores, é possível saber o aumento de volume por hectare a cada ano, variável conhecida por incremento médio anual (IMA), dado em metros cúbicos por hectare por ano ($m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$). Estas variáveis geralmente são mensuradas, a partir do segundo ano após o plantio, visando à seleção precoce e ao número de vezes em que se realizam as avaliações que dependem da estratégia de cada melhorista e dos recursos financeiros disponíveis.

Nos programas de melhoramento do eucalipto, normalmente, a seleção dos genótipos nos testes clonais de eucalipto ocorre entre o quinto e sétimo ano, e os experimentos são conduzidos em extensas áreas. Pelo fato dos testes ocuparem grandes áreas e serem conduzidos por muitos anos, a chance de que ocorram interferências ambientais na seleção dos clones é grande (SCARPINATI et al., 2009).

É comum nos programas de melhoramento que as respostas dos genótipos quanto às variações ambientais, ocasionadas por locais e anos distintos, sejam não coincidentes. Este evento é conhecido por interação genótipos x ambientes (G x A) e acontece quando os ambientes influenciam/regulam a contribuição dos genes envolvidos no controle do caráter avaliado. Assim, quando a correlação genética entre dois ambientes é alta, podemos inferir que vários genes que controlam aquele caráter são transcritos e traduzidos naqueles dois ambientes (RAMALHO et al., 2012).

Quando as respostas dos genótipos quanto às variações ambientais não são coincidentes, a recomendação de um determinado clone ou variedade de forma generalizada, para uma ampla gama de ambientes, é dificultada. Este fato faz com que o estudo da interação genótipos x ambientes seja essencial, para o sucesso do programa de melhoramento de plantas, pois permite aproveitar este fenômeno no processo de seleção (OLIVEIRA; BRAZ; BANZATTO, 2005). Vários trabalhos foram realizados visando conhecer a magnitude dessa interação pelo fato de ela estar embutida na variância genética, influenciando a herdabilidade, o ganho e também as estratégias de seleção (NUNES et al., 2002).

2.2 Modelos mistos, método da máxima verossimilhança restrita e o método dos quadrados mínimos

A utilização dos modelos mistos se iniciou, em 1949, com Henderson (ROBINSON, 1991). Este trabalho foi de grande importância para a realização das estimativas dos parâmetros genéticos visando maximizar os acertos nas seleções genotípicas, ação muito relevante para um programa de melhoramento eficiente (FREITAS; VENCOVSKY, 1993). Existem diversos métodos para estimação dos parâmetros genéticos. Entre os mais utilizados, citam-se o método dos quadrados mínimos e o método da máxima verossimilhança restrita associada ao melhor preditor linear não viesado (REML/BLUP). O BLUP foi desenvolvido por melhoristas de gado de leite e recentemente tem ganhado atenção dos melhoristas de plantas (WHITE; RODGE, 1988). O método dos quadrados mínimos é útil para o caso de dados balanceados (FARIAS NETO; RESENDE, 2001), que utiliza a decomposição dos

quadrados médios com base nas suas esperanças matemáticas. Para dados desbalanceados, tem-se o REML/BLUP como procedimento ótimo.

O método dos quadrados mínimos e o da análise de regressão são dois métodos que foram muito utilizados no melhoramento de plantas. Entretanto as técnicas de estimação, via método dos quadrados mínimos, como, por exemplo, a análise de variância (ANOVA) não são as mais indicadas no melhoramento de espécies florestais, em virtude do comum desbalanceamento ocasionado por perdas de plantas ou parcelas (RESENDE, 2000). Estes são métodos que possuem a premissa básica de independência dos erros, que nem sempre é verdadeira. Já o método da máxima verossimilhança restrita (REML) permite maior flexibilidade, na modelagem das variâncias, quando se considera esta premissa (RESENDE, 2004). A máxima verossimilhança restrita (REML) foi desenvolvida pelos ingleses Desmond Patterson e Robin Thompson, em 1971 (PATTERSON; THOMPSON, 1971) e, desde então, muitas publicações relatam sua grande eficiência no melhoramento genético de plantas e animais (KARIN, 2007; MISSIO et al., 2004; PEDROZO et al., 2009; SORENSEN; KENNEDY, 1984; SOUZA et al., 2002) e na resolução das equações de modelos mistos (AZEVEDO et al., 2015; CARVALHO et al., 2016; PINHEIRO et al., 2013; RESENDE, 2002; SILVA et al., 2013; SORENSEN; KENNEDY, 1984; TORRES et al., 2015).

Os modelos ajustados pela abordagem dos quadrados mínimos consideram todos os efeitos como fixos (exceto o erro) e normalmente requerem complexas estimativas de dados faltantes via métodos não paramétricos, por exemplo: “bootstrap” e validação cruzada (ST-PIERRE, 2001). Os métodos que utilizam modelos mistos ou a inferência bayesiana são mais robustos e eficientes para contornar a perda de dados ou a heterocedasticidade em comparação aos modelos com abordagem via método dos quadrados mínimos (RESENDE; DUARTE, 2007). Assim, os modelos de análise genética, baseados em análises de variância, são utilizados normalmente em situações sem perdas de parcelas. Entretanto, quando há dados faltantes, é necessário o uso de uma ferramenta mais poderosa tal como os modelos mistos (JAEGER, 2008; JUN, 2000; SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2005; SORENSEN; KENNEDY, 1984; WANG; GOONEWARDENE, 2004).

De acordo com Andrade et al. (2016), a principal função dos modelos estatísticos é descrever um determinado fenômeno natural. A modelagem via REML é composta por dois processos; o primeiro passo é determinar as matrizes de incidência dos efeitos fixos e, depois disso, modelar a estrutura de covariância dos efeitos aleatórios. Isso irá reger o comportamento das variâncias e covariâncias na predição de uma variável aleatória. O

ajustamento do modelo é checado pela máxima verossimilhança restrita que contabiliza o quanto as predições do modelo se aproximam dos valores reais.

Ultimamente, os modelos mistos têm recebido atenção em diversas áreas da ciência (ZHOU; STEPHENS, 2012). O termo se refere ao uso de ambos os efeitos fixos e aleatórios no mesmo modelo (SELMAN, 2012). Dessa forma, os modelos são considerados mistos, quando se estabelecem efeitos fixos e aleatórios, além da média geral e do erro experimental, respectivamente. O resultado do ajustamento das médias fenotípicas aos genótipos, utilizando o modelo fixo, resulta nos melhores estimadores lineares não viesados (BLUE). Assim, utiliza-se o método estatístico dos quadrados mínimos, que é base para a realização da análise de variância. Quando adotamos o modelo aleatório ou misto, obtemos o melhor preditor linear não viesado (BLUP), que permite modelar as estruturas de covariâncias. Isto possibilita descrever o modo como as variâncias e covariâncias irão se comportar, na predição de uma variável aleatória, informação esta muito importante para a seleção de modelos com bom ajuste e parcimônia (ANDRADE et al., 2016).

Entre outras vantagens do uso do modelo misto na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento, podem-se citar: permite usar dados desbalanceados e medidas repetidas, analisar grande número de informações provenientes de vários experimentos, realizar estimativas mais precisas, além da possível correção de dados para efeitos ambientais e predição precisa e não viciada dos valores genotípicos (RESENDE; STURION, 2001; SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2005; WANG; GOONEWARDENE, 2004).

A atribuição das variáveis no modelo como fixas ou aleatórias é controversa na literatura (PIEPHO; ECKL, 2013), variando de caso a caso. Eisenhart (1947) relata que os efeitos devem ser fixos, quando a inferência realizada descreve os resultados da medição (valor amostrado da população) e aleatórios quando se pretendem extrapolar os resultados para eventos futuros. Para Resende (2002), os efeitos ambientais podem ser considerados fixos ou aleatórios, contudo os efeitos genéticos devem ser considerados como aleatórios. Piepho e Eckl (2013) recomendam usar efeito fixo para genótipos, quando se tratar de cultivares já registradas, que são resultado de uma seleção intensiva e não de uma amostra aleatória da população. Além disso, os autores ressaltam que é por este motivo que a maioria dos pesquisadores da Alemanha, geralmente, analisam os testes de cultivares por modelos que consideram o efeito genótipo como fixo, pois, quando o número de genótipos é pequeno, as estimativas dos componentes de variância para genótipos tendem a ser pouco informativas, afetando negativamente o desempenho na predição dos efeitos aleatórios por meio do método

BLUP. Desta forma, o estabelecimento do efeito aleatório para genótipos tende a aumentar a precisão do modelo, desde que o número de cultivares seja suficientemente grande (PIEPHO; ECKL, 2013). No entanto Silva, Duarte e Reis (2015) concluíram que a definição de efeitos fixos ou aleatórios para genótipos não influencia a escolha da estrutura da matriz de variâncias – covariâncias residuais.

A utilização dos modelos mistos, em vez dos modelos via método dos quadrados mínimos, tem a desvantagem de maior número de suposições distribucionais, já que, para a aplicação da máxima verossimilhança restrita (REML), é necessário associá-la a uma distribuição de probabilidade (geralmente a distribuição normal). Porém, o REML permite estabelecer e selecionar modelos mais acurados (SORENSEN; KENNEDY, 1984), pois lida melhor com a ocorrência de dependência espacial e também apresenta maior facilidade nas análises de experimentos com medidas repetidas, plantados em diversos ambientes, o que geralmente resulta em grandes conjuntos de dados. Por estes motivos, o REML resulta em predições mais acuradas pela sua flexibilidade e ajuste das variâncias heterogêneas, na presença ou não de dados perdidos, firmando-se também como um método bastante seguro por penalizar as estimativas baseadas em pequenas amostras (RESENDE, 2004).

Por essa flexibilidade, o método é declarado como ideal para realizar as estimativas dos componentes de variância via o procedimento REML. Este método pode assumir diferentes algoritmos, para a maximização da verossimilhança e são agrupados pela ordem de suas derivadas, possuindo também algumas diferenças quanto à sua aplicação computacional: a) Expectation-Maximization (EM) é o mais acurado, porém sua convergência é a mais demorada; b) Derivative Free (DF) possui rápida convergência e também é bastante acurado quando o número de componentes de variância a ser estimado não é muito grande; por último, o algoritmo conhecido por Average Information (AI) que é mais rápido e acurado do que o DF para os modelos complexos. Estes algoritmos originam as denominações EM-REML, que utilizam derivadas de primeira ordem na função de verossimilhança; DF-REML, método não derivativo que emprega busca direta; e AI-REML, que adota derivadas de primeira e segunda ordem, sendo considerado um processo derivativo melhorado (RESENDE, 2000).

A superioridade do REML, em relação à ANOVA em plantas perenes, deve-se ao fato de que o REML lida melhor com a heterogeneidade de variâncias, resultando em diferentes variâncias residuais para os diversos efeitos do modelo sob análise e de distintas acurácias dentro dos tratamentos (JAEGER, 2008; MARTINEZ, 2010). Este problema geralmente é ocasionado pela falta de homogeneidade dentro dos blocos. Em se tratando de experimentos de espécies florestais, essa heterogeneidade dentro dos blocos é intensa, por apresentarem

medidas repetidas e ocuparem grandes áreas, aumentando assim o erro nas estimativas. Este erro pode ser contornado usando delineamentos com menor número de plantas por parcela tais como *single tree plot*, ou por métodos de análise.

Segundo Scarpinati et al. (2009), as diferenças ambientais dentro do bloco, a heterogeneidade das variâncias nos diferentes termos do modelo e as perdas de plantas por doenças e insetos promovem a seleção de genótipos com maior variabilidade fenotípica, em vez de selecionar clones com maior valor genético, ocasionando menores ganhos e progressos genéticos com a seleção. Esses autores utilizaram 18 clones de eucalipto plantados no município de Santa Rita do Passa Quatro-SP e concluíram que a abordagem REML/BLUP foi superior em relação ao uso do método de quadrados mínimos. Similarmente, Rocha et al. (2006), estudando progênies de meios irmãos de *Eucalyptus urophylla*, concluíram que a abordagem REML resultou em valores superiores para os coeficientes de herdabilidade em nível de média de progênies e acurácia de seleção. Entretanto, neste caso, os coeficientes de herdabilidade, em nível de plantas, estimados pela abordagem REML, foram semelhantes à abordagem pelo método dos quadrados mínimos.

2.3 Modelagem das variâncias residuais em experimentos multiambientais

Conforme mencionado anteriormente, em experimentos de melhoramento genético do gênero *Eucalyptus para*, produção de carvão e celulose, é comum que se façam comparações entre os genótipos, utilizando no mínimo dados de duas avaliações fenotípicas no decorrer da condução dos testes de progênies, testes clonais e testes clonais ampliados, também conhecidos por plantios pilotos. Geralmente, estes ensaios são feitos em vários locais e avaliados por até sete anos consecutivos, o que resulta em medidas longitudinais, obtidas por mensurações repetidas na mesma parcela no decorrer do tempo. Estas medições repetidas em vários locais são comuns em espécies perenes e contribuem para monitorar o caráter avaliado, no decorrer do tempo e permitem obter estimativas mais precisas dos parâmetros genéticos populacionais. Porém isto provoca padrões nas covariâncias dos fatores aleatórios e na não independência do erro entre as medições (ANDRADE et al., 2016).

Na maioria dos casos, quando estes experimentos são analisados, é comum que os pesquisadores assumam o pressuposto de que as parcelas são não correlacionadas e que os erros se comportam de maneira independente ($R = I\sigma_e^2$). Contudo é comum que as plantas situadas nestes ensaios apresentem não independência na variância residual entre os indivíduos da parcela e na covariância entre as medições. Isto faz com que a modelagem das

variâncias residuais se torne relevante, já que o controle local e a casualização não foram suficientes para gerar uma análise de variância acurada (MARTINEZ, 2010).

Pelo fato de as medidas repetidas ocorrerem, em momentos distintos na mesma parcela, as análises destes dados não apresentam total independência entre as medições e necessitam de diferentes estruturas da matriz de variâncias-covariâncias residuais (SILVA; DUARTE; REIS, 2015). Assim, a autocorrelação espacial e serial é positiva e aumenta com a diminuição do tempo entre as observações e também com o decréscimo na distância entre as parcelas. Assim, os modelos que consideram a correlação serial entre medições consecutivas, no mesmo experimento, conhecidos também por modelos de análise espacial, tendem a resultar em predições mais acuradas e eficientes quando os dados apresentam dependência espacial ou temporal (RESENDE; STURION, 2003). Sendo assim, a modelagem da estrutura de covariâncias dos dados é imprescindível para se obter maior precisão das estimativas (CHENG et al., 2010).

O ajuste destes modelos pode ser feito, via quadrados mínimos, com a limitação de que a interação entre fatores fixos e aleatórios não é facilmente estudada neste método e os valores perdidos ocasionam grande perda na precisão do experimento. Mesmo com métodos mais complexos, como, por exemplo, análises multivariadas e ANOVA, em parcelas subdivididas com correções “*box type*”, para os graus de liberdade, os valores perdidos ocasionam a deleção de toda a linha em que o valor perdido está. Além disso, somente um termo do erro pode ser considerado. A abordagem, utilizando os modelos mistos e REML para medidas repetidas, possui a facilidade de assumir modelos de correlação para variância e covariância e acomodar diversos efeitos residuais, além de ser uma estratégia mais parcimoniosa do que a utilização das análises multivariadas (PIEPHO; BÜCHSE; RICHTER, 2004).

Os modelos mistos ajustados pela máxima verossimilhança restrita podem ser empregados com sucesso, nos conjuntos de dados longitudinais, em um ou dois estágios. Esta ação permite utilizar diversas estruturas de matriz de variâncias e/ou covariâncias residuais, como, por exemplo: simetria composta (CS), parcela subdividida clássica (PSC), autorregressiva de primeira ordem (AR(1)), simetria composta heterogênea (CSH), não estruturada (UN), toeplitz (Toep), dentre outras (FURTADO, 2009). Os elementos da matriz de covariância residual não estruturada (UN) podem atingir quaisquer valores e este tem sido considerado o procedimento ótimo para a análise de dados com medidas repetidas. A estrutura de covariância residual conhecida por simetria composta (CS) assume que as variâncias de cada medição e a correlação entre elas são idênticas, sendo esta estrutura eficiente, desde que

esta condição seja atendida. Já a estrutura autorregressiva de primeira ordem (AR(1)) assume que as correlações são crescentes com a diminuição do intervalo do tempo (ANDRADE et al., 2016).

Como podemos notar, são muitas opções de estruturas disponíveis atualmente e a escolha da mais adequada deve seguir um critério de seleção. Dentre os vários existentes, destacam-se o Critério de Akaike (AIC) e Critério de Informação Bayesiano de Schwarz (BIC), que representam valores para os logaritmos das funções de verossimilhanças penalizadas pelo número de parâmetros estimados. Estes dois critérios são os mais populares pela facilidade na interpretação, pois, quanto mais próximo de zero for o valor de BIC e AIC menor será o erro de predição e melhor será a estrutura de covariâncias para o conjunto de dados. Especificamente, o BIC, além de penalizar a verossimilhança de acordo com o número de parâmetros presentes no modelo, também, considera a intensidade amostral realizada no estudo (ANDRADE et al., 2016).

Visando à redução da carga computacional nas análises multiambientais, é recomendado que as análises sejam realizadas em duas etapas. Desta forma, os experimentos são analisados, individualmente, facilitando a inclusão de características importantes e específicas do delineamento experimental em cada caso, isolando os efeitos dos erros dentro do ensaio. Vale ressaltar que, nas análises em dois estágios, o modelo a ser utilizado na segunda fase da análise deve ser o mais parecido possível com o modelo utilizado na análise que seria feita, caso fosse feita em fase única (PIEPHO; ECKL, 2013).

O modelo, para dados longitudinais, pode apresentar problemas na convergência em virtude das altas correlações encontradas entre estas medidas repetidas para avaliar diferentes clones em idades distintas. Outro fato agravante é que as medidas repetidas, normalmente, não ocorrem em intervalos fixos, circunstância comum em programas de melhoramento do gênero *Eucalyptus* (RESENDE, 2004).

De acordo com Piepho e Eckl (2013), os dados de experimentos de culturas perenes com medidas repetidas exigem um modelo misto que possibilite a análise da correlação em série. Uma característica comum dos experimentos que possuem medidas repetidas é que a correlação em série diminui com o passar do tempo, e isto pode ser contornado com o uso de diferentes estruturas de matriz de variâncias – covariâncias residuais. Um dos objetivos da análise de séries temporais é o monitoramento da variável resposta e dos efeitos dos fatores, em função do tempo, além da predição dos parâmetros genéticos mais acurados e verificação dos ciclos, tendências e variações sazonais. Sob a abordagem de modelos mistos, estes dados longitudinais apresentam matrizes de incidências para as médias dos efeitos fixos e para as

covariâncias dos efeitos aleatórios (ANDRADE et al., 2016). A modelagem destas matrizes de covariâncias pode ser aplicada para tratamentos, blocos e erro. Entretanto, na escolha do modelo ideal, deve-se ter cuidado com o tamanho da amostra, pois, quando esta é pequena, recomenda-se a utilização de modelos mais simplificados com menor número de parâmetros. O modelo ideal está situado entre os modelos excessivamente simplistas e os modelos que apresentam um número muito grande de parâmetros. Um indicativo importante de que o modelo precisa ser simplificado são os componentes de variância e a estrutura de correlação com estimativas negativas que ocasionam problemas na convergência dos modelos que descrevem dados com medidas repetidas (PIEPHO; BÜCHSE; RICHTER, 2004).

Smith, Cullis e Thompson (2005), trabalhando com clones de cana-de-açúcar, testaram diversas modelagens para a covariância genética (G) e residual (R), utilizando dois grupos de experimentos contendo informações de colheitas de ensaios plantados em diferentes ambientes. Primeiramente, foi realizada a modelagem da matriz R, levando em consideração aspectos temporais e espaciais, para acomodar as correlações entre colheitas e experimentos. Posteriormente, ocorreu a modelagem da matriz G, considerando diferentes estruturas de covariância entre colheitas e experimentos. O primeiro grupo de experimentos contempla 240 clones em seis ambientes distintos. Segundo o critério de Akaike (AIC), o melhor ajuste da matriz R foi uma combinação entre a matriz de covariância residual UN e AR e, para a matriz G, foi a UN e fator analítica de segunda ordem (FA). Para o segundo grupo de experimentos com 112 clones em cinco ambientes, a melhor matriz R ajustada também foi uma combinação entre a estrutura UN e AR, e o melhor ajustamento para a matriz G foi para a estrutura, utilizando o fator analítico com dois termos multiplicativos (FA); a matriz UN não convergiu para esta situação. Essas modelagens resultaram em uma predição mais acurada dos parâmetros genéticos, apresentando menor quadrado médio do erro de predição, em ambos os casos, ocorrendo também a mudança no ordenamento dos indivíduos candidatos à seleção.

Smith et al. (2007), trabalhando com cana-de-açúcar, concluíram que a modelagem da matriz R melhorou a predição dos valores genéticos, por meio de estimativas mais acuradas, quando comparado ao método tradicional. Os valores encontrados no seu trabalho levaram a diferentes seleções e reduziu em 39% o quadrado médio do erro.

Apiolaza, Gilmour e Garrick (2000) utilizaram o caráter altura de plantas, avaliado 10 vezes, em diferentes idades, em um teste com 45 progênies de meios irmãos de *Pinus radiata* e nove testemunhas, plantado no Chile em 1981. Os autores estabeleceram a matriz R como UN, matriz AR para blocos e testaram várias modelagens para a matriz G, em que a estrutura AR se mostrou mais adequada, para este conjunto de dados, apresentando melhorias nas

predições dos parâmetros genéticos. Eles concluíram que a estrutura de covariância varia de acordo com o erro amostral e com o número de progênies de pinus avaliadas. A estrutura AR pode ser utilizada com sucesso, para espécies afins, porém a estrutura ideal é inerente a cada caráter avaliado e sofre influência de diversos fatores externos. Diversos outros trabalhos têm concluído que a modelagem na estrutura da matriz R e G têm propiciado aumento da acurácia e melhores predições de parâmetros genéticos, alteração no ordenamento dos indivíduos, gerando maiores ganhos genéticos com a seleção e sugerem que as estruturas de covariância sejam avaliadas para diferentes espécies, ambientes e caracteres (ANDRADE et al., 2016; APIOLAZA; GILMOUR; GARRICK, 2000; MARTINEZ, 2010; PIEPHO; BÜCHSE; THOMPSON, 2004; PIEPHO; ECKL, 2013; RESENDE et al., 2001; RESENDE; STURION, 2003; SILVA; DUARTE; REIS, 2015; SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2005).

REFERÊNCIAS

- ANDRADE, V. T. et al. Statistical modeling implications for coffee progenies selection. **Euphytica**, Wageningen, v. 207, n. 1, p. 177-189, 2016.
- APIOLAZA, L. A.; GILMOUR, A. R.; GARRICK, D. J. Variance modelling of longitudinal height data from a *Pinus radiata* progeny test. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v. 30, n. 4, p. 645-654, 2000.
- ARAÚJO, E. S. N. N.; GIMENES, M. A.; LOPES C. R. Phylogenetic relationships among genera *Eucalyptus* and *Corymbiaspecies* based on rDNA internal transcribed spacers sequence. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 62, p. 75-85, 2002.
- ASSIS, T. F.; ABAD, J. I. M.; AGUIAR, A. M. Melhoramento genético do eucalipto. In: FERREIRA, M. (Ed.). **A aventura dos eucaliptos: silvicultura do eucalipto no Brasil**. Santa Maria: Ed. UFSM, 2015. cap. 1, p. 13-48.
- ASSIS, T. F.; BAUER, J. F. dos S.; TAFAREL, G. Sintetização de híbridos de *Eucalyptus* por cruzamentos controlados. **Revista Ciências Florestais**, Santa Maria, v. 3, n. 1, p. 161-170, 1993.
- AZEVEDO, A. L. P. et al. Seleção genética em progênes de *Eucalyptus camaldulensis* em área de cerrado matogrossense. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 45, n. 11, p. 2001-2006, 2015.
- BISON, O. et al. Inbreeding depression in *Eucalyptus* clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 4, p. 459-464, 2004.
- CARVALHO, L. P. D. et al. Use of REML/BLUP methodology for selecting cotton genotypes with higher adaptability and productive stability. **Bragantia**, Campinas, v. 75, n. 3, p. 314-321, jul./set. 2016.
- CASTRO, C. A. de O. et al. Brief history of *Eucalyptus* breeding in Brazil under perspective of biometric advances. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 46, n. 9, p. 1585-1593, 2016.
- CHENG, J. et al. Real longitudinal data analysis for real people: building a good enough mixed model. **Statistics in Medicine**, New York, v. 29, n. 4, p. 504-520, 2010.
- EISENHART, C. The assumptions behind the analysis of variance. **Biometrics**, Raleigh, v. 3, n. 1, p. 1-21, 1947.
- ELDRIDGE, R. G. **Eucalypt domestication and breeding**. Oxford: Clarendon, 1993.
- FARIAS NETO, J. T.; RESENDE, M. D. V. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 23, n. 2, p. 320-324, 2001.
- FONSECA, S. M. da F. et al. **Manual prático de melhoramento genético de eucalipto**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2010. 200 p.

FREITAS, A. R.; VENCOVSKY, R. Comparação de métodos para estimação de componentes de variâncias e parâmetros afins de múltiplas características em bovinos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 28, p. 453-463, 1993.

FURTADO, S. M. T. **Uso de modelos misto para a análise de dados longitudinais de um experimento com bovinos em lactação**. 2009. 46 p. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agropecuária)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

GÜNERALP, B. et al. Global scenarios of urban density and its impacts on building energy use through 2050. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v. 114, n. 34, p. 1-6, 2017.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. **Anuário estatístico 2017 da indústria brasileira de árvores: ano base 2016**. Brasília, DF, 2017. 80 p.

JAEGER, T. F. Categorical data analysis: away from ANOVAs (transformation or not) and towards logit mixed models. **Journal of Memory and Language**, New York, v. 59, p. 434-446, 2008.

JUN, Z. Mixed linear model approaches for analyzing genetic models of complex quantitative traits. **Journal of Zhejiang University**, Zhejiang Sheng, v. 1, n. 1, p. 78-90, 2000.

KARIN, M. W. A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University**, Zhejiang Sheng, v. 8, n. 11, p. 815-821, 2007.

LAMBIN, E. F.; MEYFROIDT, P. Global land use change, economic globalization, and the looming land scarcity. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v. 108, n. 9, p. 3465-3472, 2011.

MARTINEZ, D. T. **Avaliação genética sob heterogeneidade de variância residual dentro de tratamentos**. 2010. 73 p. Tese (Doutorado em Engenharia Florestal)-Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2010.

MISSIO, R. F. et al. Selection of *Pinus caribaea* var. *bahamensis* progenies based on the predicted genetic value. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Vicososa, MG, v. 4, n. 1, p. 399-407, 2004.

MORAN, G. F.; BELL, J. C. Eucalypts. In: TANSLEY, D. S.; ORTON, T. J. (Ed.). **Isoenzymes in plant genetics and breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1983. p. 423-441.

MORAN, G. F.; BELL, J. C.; GRIFFIN, A. R. Reduction in levels of inbreeding in a seed orchard of *Eucalyptus regnans* F. Muell. compared with natural populations. **Silvae Genetica**, Warsaw, v. 38, n. 1, p. 32-36, 1989.

NUNES, S. G. et al. Implicações da interação genótipos x ambientes na seleção de clones de eucalipto. **Cerne**, Lavras, v. 8, n. 1, p. 49-58, 2002.

- OLIVEIRA, C. D.; BRAZ, L. T.; BANZATTO, D. A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de cenoura. **Horticultura Brasileira**, Brasília, DF, v. 23, n. 3, p. 743-748, 2005.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, London, v. 58, p. 545-554, 1971.
- PEDROZO, C. A. et al. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia reml/blup no melhoramento da cana-de-açúcar. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 10, n. 1, p. 31-36, 2009.
- PIEPHO, H. P.; BÜCHSE, A.; RICHTER, C. A mixed modelling approach for randomized experiments with repeated measures. **Agronomy & Crop Science**, Berlin, v. 190, n. 4, p. 230-247, 2004.
- PIEPHO, H. P.; ECKL, T. Analysis of series of variety trials with perennial crops. **Grass and Forage Science**, Oxford, v. 69, n. 3, p. 431-440, 2013.
- PINHEIRO, L. C. de M. et al. Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e proteína em soja via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 48, n. 9, p. 1246-1253, set. 2013.
- RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Ed. UFLA, 2012.
- RESENDE, M. D. V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2000. (Documento, 47).
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: EMBRAPA, 2002.
- RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2004. (Documento, 100).
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.
- RESENDE, M. D. V. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 60, n. 3, p. 185-193, 2001.
- RESENDE, M. D. V.; STURION, J. A. Análise estatística espacial de experimentos via modelos mistos individuais com erros modelados por processos ARIMA em duas dimensões. **Revista Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 21, n. 1, p. 7-33, 2003.
- RESENDE, M. D. V.; STURION, J. A. **Análise genética de dados com dependência espacial e temporal no melhoramento de plantas perenes via modelos geoestatísticos e de séries temporais empregando REML/BLUP ao nível individual**. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2001. (Documento, 65).

ROBINSON, G. K. That BLUP is a good thing: the estimation of random effects. **Statistical Science**, Hayward, v. 6, n. 1, p. 15-51, 1991.

ROCHA, M. das G. de B. et al. Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus urophylla* utilizando os procedimentos REML/BLUP e E(QM). **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 16, n. 4, p. 369-379, 2006.

ROSADO, A. M. et al. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 44, n. 12, p. 1653-1659, 2010.

ROSADO, A. M. et al. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 47, n. 7, p. 964-971, jul. 2012.

SCARPINATI, E. et al. Influência do modelo de análise estatística e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de *Eucalyptus spp.* **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 33, n. 4, p. 769-776, 2009.

SCHMIT, R. et al. Longitudinal analysis in the selection of *Eucalyptus globulus* clones under contrasting water availability conditions. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 43, n. 105, p. 217-224, 2015.

SCHUMACHER, M. V.; VIERA, M. **Silvicultura do eucalipto no Brasil**. Santa Maria: Ed. UFSM, 2016.

SELMAN, H. Mixed model. In: _____. **Experimental design for behavioral and social sciences**. Pittsburgh: Carnegie Mellon University, 2012. chap. 15.

SILVA, E. N.; DUARTE, J. B.; REIS, A. J. S. Seleção da matriz de variância-covariância residual na análise de ensaios varietais com medidas repetidas em cana-de-açúcar. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 45, n. 6, p. 993-999, 2015.

SILVA, M. A. G. et al. Modelos mistos na seleção de famílias de cana de açúcar aparentadas sob o enfoque clássico e bayesiano. **Revista Brasileira de Biometria**, São Paulo, v. 31, n. 1, p. 1-12, 2013.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 143, n. 6, p. 449-462, 2005.

SMITH, A. B. et al. Varietal selection for perennial crops where data relate to multiple harvests from a series of field trials. **Euphytica**, Wageningen, v. 157, n. 1/2, p. 253-266, 2007.

SORENSEN, D. A.; KENNEDY, B. W. Estimation of response to selection using least-squares and mixed model methodology. **Journal of Animal Science**, Oxford, v. 58, n. 5, p. 1097-1116, 1984.

SOUZA, A. G. C. et al. The cupuaçu genetic improvement program at Embrapa Amazônia Ocidental. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Vicosa, MG, v. 2, n. 3, p. 471-478, 2002.

ST-PIERRE, N. R. Invited review: integrating quantitative findings from multiple studies using mixed model methodology. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 84, n. 4, p. 741-755, 2001.

TORRES, F. E. et al. Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. **Bragantia**, Campinas, v. 74, n. 3, p. 255-260, 2015.

WANG, Z.; GOONEWARDENE, L. A. The use of MIXED models in the analysis of animal experiments with repeated measures data. **Canadian Journal of Animal Science**, Ottawa, v. 84, n. 1, p. 1-11, 2004.

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. Best linear prediction of breeding values in a forest tree improvement program. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 76, n. 5, p. 719-727, 1988.

ZHOU, X.; STEPHENS, M. Genome-wide efficient mixed-model analysis for association studies. **Nature Genetics**, New York, v. 44, n. 7, p. 821-824, 2012.

ZOBEL, B. J.; JETT, J. B. **Genetics of wood production**. Madison: Springer-Verlag, 1995.

SEGUNDA PARTE – ARTIGO

**ARTIGO 1 - TRIAL ASSESSMENT APPROACHES FOR EUCALYPTUS PLANTED
AT THE VALE DO JARI, AMAZONIA**

**Artigo redigido conforme a NBR 6022 (ABNT, 2003) e formatado de acordo com o
Manual da UFLA de apresentação de teses e dissertações.**

RESUMO

Para que a seleção de genótipos superiores, mais produtivos e adaptados, seja ainda mais eficiente, é necessário que se aprimore a estimação dos parâmetros genéticos. O uso dos modelos mistos é uma das formas de se atingir este objetivo pelas vantagens que esta abordagem apresenta sobre as demais técnicas. Isto impacta, na estimativa dos parâmetros genéticos, que é uma ferramenta chave na seleção de genótipos superiores. Assim, este estudo teve como objetivo avaliar a eficiência da utilização dos modelos mistos e a redução do erro de predição ocasionado pela modelagem da estrutura de variâncias e covariâncias residuais. Os dados utilizados foram obtidos de testes clonais pertencentes ao programa de melhoramento genético do grupo Jari, plantados em três ambientes com 90 clones híbridos das seguintes espécies: *Eucalyptus platyphylla*; *Eucalyptus grandis*; *Eucalyptus urophylla*; *Eucalyptus wetarensis*; *Eucalyptus tereticornis*; *Eucalyptus camaldulensis* e *Eucalyptus globulus*. Os experimentos foram avaliados aos três e seis anos após o plantio, para as seguintes variáveis: circunferência à altura do peito, altura e incremento médio anual em volume de madeira. De acordo com o critério de informação bayesiano (BIC), concluiu-se que o ajuste via modelos mistos, utilizando a estrutura da matriz de variâncias e covariâncias residuais denominada simetria composta (CS), foi o mais adequado, para todas as variáveis analisadas, pois resultou em menor erro de predição. Além disto, a estrutura de matriz de variância e covariância residual CS apresentaram valores muito altos de acurácia seletiva, para todas as variáveis avaliadas, garantindo predições genotípicas confiáveis e precisas para o correto ordenamento dos clones testados.

Palavras-chave: *Eucalyptus* spp.. Modelos mistos. Acurácia. Estimativas de parâmetros genéticos. Análise de variância. Melhoramento genético de eucalipto. Testes clonais.

ABSTRACT

To make more effective selection on superior genotypes, more productive and adjusted to diverse environmental conditions, it is necessary to improve genetic parameter predictions. Mixed models can be used in this sense, since it presents several advantages over the other approaches. This affects genetic parameter estimations, that is a key-tool on identifying superior individuals. This study goal is two-fold: asses the mixed models use and study the error reduction of the prediction error due to the covariance residual structure modeling. Data was from a clonal test belonging to the company Jari, with 90 hybrid clones of the following species: *Eucalyptus platyphylla*; *Eucalyptus grandis*; *Eucalyptus urophylla*; *Eucalyptus wetarensis*; *Eucalyptus tereticornis*; *Eucalyptus camaldulensis* e *Eucalyptus globulus*. The trial was measured twice, at 3 and 6 years after planting considering the following variables: height, girth at 1.3 meters from soil level and mean annual increment in volume. According to the Bayesian information criterion (BIC) statistic, we conclude that the fit by mixed model using the composed symmetry (CS) was the best approach for all characters assessed, since it yielded smaller prediction error. Besides, the residual variance and covariance structure CS presented higher selective accuracy to all characters assessed, what guarantees precise predictions to correctly rank the tested clones.

Keywords: *Eucalyptus* spp.. Mixed models. genetic parameter estimative. Variance analysis. *Eucalyptus* genetic improvement. Clonal test.

1 INTRODUÇÃO

O cultivo de espécies do gênero *Eucalyptus*, em países de clima tropical, por exemplo, Brasil e Congo, tem sido reconhecido mundialmente (POTTS; DUNGEY, 2004). Isto se deve não somente à adaptação das espécies do gênero às condições climáticas brasileiras e melhoria dos métodos silviculturais e práticas de manejo, mas sobretudo, ao sucesso dos programas de melhoramento genético. O melhoramento genético é uma ferramenta crucial para a formação de plantios mais produtivos e adaptados às variadas condições de cultivo do território brasileiro (ROSADO et al., 2009).

Para que se alcance a otimização dos programas de melhoramento genético, a predição de valores genéticos e a estimação de componentes de variância são as principais ferramentas (RESENDE, 2000). Entre as técnicas mais usadas na estimação de parâmetros genéticos, em testes de progênies e clonais, podem-se citar o método dos quadrados mínimos, o qual constitui a base para a análise de variância (ANAVA) e o método da máxima verossimilhança restrita associada ao melhor preditor linear não viesado (REML/BLUP), que tem sido usado com mais sucesso pelos pesquisadores.

Vários autores têm utilizado modelos mistos na seleção de progênies/clones de eucalipto. Por exemplo, Rosado et al. (2009) avaliaram parâmetros genéticos e compararam ganhos preditos por diferentes métodos de seleção para *Eucalyptus urophylla* e concluíram que a seleção por modelos mistos (BLUP) proporcionou melhores estimativas de ganhos. Similarmente também trabalhando com *Eucalyptus urophylla*, Rocha et al. (2006), usando REML/BLUP e o método dos quadrados mínimos, verificaram que ambos os métodos são ótimos para predição de parâmetros e que a máxima verossimilhança restrita (REML) proporcionou acurácia superior a 70% em todas as populações.

A melhoria das estratégias de seleção, nos programas de melhoramento genético, tem extrema importância na perspectiva atual de mudanças climáticas, em que se deve suprir a crescente demanda por produtos florestais, considerando as incertezas nas variações dos padrões climáticos, que impactam na produção. Além disso, a melhoria nas estratégias de seleção seria um fator que contribuiria, para dar impulso à produção do setor florestal brasileiro, promovendo o desenvolvimento econômico do país, aumentando o PIB e gerando mais empregos, diretos e indiretos.

Desta forma, tendo em vista os ganhos potenciais relacionados ao uso dos modelos mistos na predição dos parâmetros genéticos, este artigo tem como objetivos avaliar a eficiência da utilização dos modelos mistos na predição dos parâmetros genéticos e a

modelagem da estrutura de covariâncias residuais usando dados de testes clonais implantados em três ambientes distintos com duas avaliações cada.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Base de dados

Os testes clonais foram cedidos pela empresa Jari Celulose e estão localizados no município de Almeirim, no Pará, cujo clima é quente e úmido, com média mensal de temperatura mínima superior a 18 °C. A precipitação anual varia de 1.900 a 2.300 mm, com período chuvoso de dezembro a junho. A amplitude térmica é inferior a 5 °C e, nos meses de julho a novembro, a precipitação mensal geralmente não ultrapassa 60 mm (AMORIM et al., 2010). A região é classificada como Am, segundo a classificação climática de Köppen (ALVARES et al., 2013).

O plantio dos testes clonais ocorreu, em 2008, no delineamento experimental de blocos casualizados completos (DBCC), com três repetições e 25 plantas por parcela (quadrada, cinco linhas e cinco colunas de plantas, espaçadas de três metros entre si), em três ambientes distintos (TABELA 1). Os tratos silviculturais utilizados foram os mesmos preconizados para os plantios comerciais da empresa.

Os testes clonais foram compostos por 88 clones e dois clones comerciais em uso pela empresa, como testemunhas, totalizando, assim, 90 clones em cada ambiente. Para evitar variação ambiental dentro dos blocos e facilitar operacionalmente a instalação dos ensaios, os 90 clones foram divididos em quatro experimentos por ambiente, totalizando doze testes clonais, visto que cada experimento possuía dois clones em comum utilizados como testemunha.

Os 90 clones utilizados no teste são híbridos intra e interespecíficos, desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético da Jari Celulose, obtidos por meio de polinizações aberta e controlada das espécies: *Eucalyptus platyphylla* F. Muell; *Eucalyptus grandis* W. Hill; *Eucalyptus urophylla* S. T. Blake; *Eucalyptus wetarensis* [J]; *Eucalyptus tereticornis* Smith; *Eucalyptus camaldulensis* Dehn. e *Eucalyptus globulus* Labill. Estes clones foram selecionados em testes de progênes de meios irmãos e irmãos completos, visando ao aumento de volume de madeira, melhoria da forma silvicultural e resistência a doenças. As árvores selecionadas nos testes de progênes foram abatidas e depois de, aproximadamente, 30 dias procedeu-se à coleta das brotações. Estas brotações foram usadas para a produção das mudas que foram plantadas em minijardim clonal para a multiplicação, formação de novas mudas e plantio dos testes clonais.

Tabela 1 - Tipos de solo dos ambientes dos testes clonais.

Ambientes	Tipos de solo
A1	Latossolo bruno alumínicos típicos, epidistrófico, A moderado, textura muito argilosa, relevo plano (LBa3).
A2	Cambissolo háplico alítico, A moderado, textura muito argilosa cascalhenta, concrecionário, relevo suave ondulado a ondulado (CXa2).
A3	Latossolo amarelo alumínico, A moderado, textura média arenosa, relevo suave ondulado a ondulado (LAa6).

Fonte: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA, 2006).

2.2 Avaliações realizadas nos experimentos

Os testes clonais foram medidos aos três e seis anos de idade. As variáveis dendrométricas avaliadas foram: circunferência à altura do peito (CAP) em centímetros e altura total da árvore (h) em metros. Após a coleta destas variáveis em campo, foi estimado o incremento médio anual (IMA, $m^3 \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$), por meio da multiplicação do volume médio individual de madeira (m^3) pelo número de árvores por hectare e dividido pela idade do plantio em anos (REZENDE; FERRAZ, 1986). O volume individual total com casca (m^3) foi estimado por meio da seguinte equação (MCTAGUE et al., 1989):

$$V_t = 0,000027061 * D^{1,8298} * h^{1,1712} ,$$

Em que:

V_t é o volume total com casca expresso em metros cúbicos (m^3);

D é o diâmetro à altura do peito (DAP) expresso em centímetros (cm);

h é a altura total da árvore em metros (m).

2.3 Análises dos dados

Todas as análises dos dados foram realizadas utilizando o software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2017). Primeiramente foram realizadas as análises individuais por medição e por ambiente para verificar se as pressuposições estatísticas estavam sendo atendidas. Posteriormente foram realizadas as análises multiambientes envolvendo todas as medições de acordo com o seguinte modelo:

$$y = X\beta + Zg + Wb + Ti + Su + Vq + e$$

Em que:

y é o vetor de dados; β é o vetor dos efeitos fixos das combinações medições-ambientes, somados à média geral; g é o vetor dos efeitos genotípicos, $g \sim NMV(0, I\sigma_g^2)$; b é o vetor dos efeitos de blocos dentro de experimentos nos ambientes, $b \sim NMV(0, I\sigma_b^2)$; i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes, $i \sim NMV(0, I\sigma_i^2)$; u é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições, $u \sim NMV(0, I\sigma_u^2)$; q é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições x ambientes, $q \sim NMV(0, I\sigma_q^2)$; e é o vetor de erros, $e \sim NMV(0, R)$. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para testar se as variâncias são de fato homogêneas, utilizou-se o teste de Hartley, também conhecido por teste da Razão Máxima (HARTLEY, 1950; MCGUINNESS, 2002) para comparar as variâncias residuais de forma mais simples do que o teste de Bartlett (BARTLETT, 1937; HARTLEY, 1950). O teste Hartley utiliza a razão entre o maior e menor quadrado médio do erro encontrado nos grupos de experimentos comparados, aceitando ou rejeitando a hipótese, de acordo com a comparação entre o valor encontrado no teste e o F máximo tabelado.

Para modelar a covariância espacial e temporal, no que concerne à matriz de covariâncias residuais (R), foram testadas as estruturas de simetria composta ($CS(\text{ambiente}) \otimes CS(\text{medições})$) e outra mais parametrizada com variâncias heterogêneas entre ambientes e não estruturada para medições – $Diag(\text{Ambientes}) \otimes US(\text{medições})$. Com o uso do software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2017), realizou-se a estimação dos componentes de variância pelo método da máxima verossimilhança restrita com simultânea predição BLUP dos efeitos aleatórios e estimativas BLUE dos efeitos fixos.

Além disso, os dados foram também analisados por outros dois modelos: um primeiro, considerando o modelo de repetibilidade e interação genótipos x ambientes, que não considera a existência de interações genótipos por medições; e um segundo, admitindo um modelo fixo, à semelhança do modelo *split-plot-in-time* em vários ambientes.

Para identificação e escolha do modelo estatístico com menor erro de predição e melhor estrutura de covariâncias, foi utilizado o critério de Schwarz, também conhecido por critério de informação bayesiano (BIC), que é baseado na verossimilhança de ajuste do modelo (SILVA; DUARTE; REIS, 2015). Ele é o critério de informação mais adequado por ser de fácil interpretação e penalizar modelos excessivamente parametrizados (BURNHAM; ANDERSON, 2004; SCHWARZ, 1978). Sua estimativa é obtida por:

$$BIC = -2 \log L + p \log v$$

Em que:

L é o valor estimado da verossimilhança do modelo;

p é o número de parâmetros estimados no modelo avaliado;

v é o número de graus de liberdade do resíduo.

Realizou-se a estimativa da acurácia seletiva para confirmação da escolha do melhor modelo. Conforme Resende e Duarte (2007), a acurácia seletiva é o parâmetro adequado, para avaliar o ordenamento correto das cultivares, para fins de seleção e refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro e aquele predito por meio dos modelos e informações dos experimentos. Associada ao método dos quadrados mínimos (efeito fixo) a acurácia é expressa por:

$$\hat{r}_{\hat{g}g} = \sqrt{\left(1 - \frac{1}{F}\right)}$$

Em que:

F é o valor da razão de variâncias para os efeitos de clone e o coeficiente de variação experimental, associado à análise de variância.

Contudo, na classe dos preditores não viciados, a acurácia é dada pela variância do erro de predição por meio da equação (HENDERSON, 1984):

$$\hat{r}_{\hat{g}g} = \sqrt{\left(1 - \frac{PEV}{\sigma_g^2}\right)}$$

Em que:

PEV é a variância do erro de predição;

σ_g^2 é a variância genotípica entre os clones.

2.4 Correlação de Pearson e índice de coincidência

Visando avaliar o efeito das modelagens estatísticas no ordenamento dos clones, foram utilizados a correlação de Pearson e o índice de coincidência. O índice de coincidência estabelece a proporção do número de clones coincidentes em relação ao número total de clones selecionados pelo modelo comparado. Este índice é normalmente usado para comparar diferentes intensidades de seleção. O ordenamento do valor genotípico dos clones foi obtido pelas estimativas BLUE da análise do modelo fixo e das previsões BLUP provenientes do modelo misto, e o cálculo do índice de coincidência é fornecido pela seguinte expressão:

$$IC = \frac{C}{T}$$

Em que:

C é o número de clones superiores selecionados comumente pelos modelos avaliados;

T é o número de clones total selecionados sob uma dada intensidade de seleção.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Análises por medição, por ambiente e o teste Hartley

Inicialmente, foram realizadas análises exploratórias para cada uma das características avaliadas: circunferência à altura do peito (CAP), altura (h) e incremento médio anual (IMA) para verificar se os seguintes pressupostos estavam sendo atendidos: os erros são normais, independentes, aleatórios e sua variância é homogênea (COCHRAN, 1947). Caso estes pressupostos não sejam atendidos, devem-se buscar por estruturas que melhor se adequem à estrutura de matriz de variância residual.

Assim, foi realizada a análise de variância (ANOVA) individual, para cada medição e cada ambiente, em que foi extraído o quadrado médio do erro (QME), para a realização do teste de Hartley para medição e ambiente (TABELA 2).

Tabela 2 - Quadrado médio do erro (QME) para as análises realizadas por medição e ambiente e os valores do teste Hartley para as características CAP, altura e IMA.

Características	Medição 1	Medição 2	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 3	H medição	H ambiente
CAP	9,20	17,00	1,90	3,40	3,60	1,85*	1,89*
Altura	1,91	3,43	0,51	0,61	0,89	1,80*	1,75*
IMA	27,50	48,60	2,61	8,88	14,40	1,77*	5,52*

Fonte: Do autor (2018).

* significativo a 5%; H medição: teste de Hartley para medição; H ambiente: teste de Hartley para ambiente.

De acordo com os valores encontrados no teste Hartley, pode-se concluir que pelo menos uma das variâncias residuais, para medições e locais, difere das demais. Este fato justifica a avaliação de outras estruturas da matriz R, pois as variâncias encontradas não são homogêneas. A variação na mortalidade de plantas dentro dos ensaios corrobora com este resultado, pois a mortalidade de plantas, no ambiente 3, foi de 16,1% e, no ambiente 1, foi 21,6%. Essa diferença é mais pronunciada, em se tratando da mortalidade de plantas entre os clones, que variou de 3,6% a 58,4%.

3.2 Análise conjunta para os modelos avaliados

3.2.1 Modelo fixo

Conforme a análise de variância conjunta (TABELA 3), pode-se verificar que o efeito de blocos dentro de locais e experimentos não foi significativo para nenhuma das três características avaliadas. Desta forma, não houve diferenças entre os blocos dentro de um dado experimento em um determinado ambiente. Contudo o efeito de experimentos dentro de ambiente foi significativo, o que prova que a estratégia de dividir os 90 clones em quatro experimentos foi efetiva para a melhoria do controle local.

A interação clones x medições foi significativa, para as variáveis CAP, h e IMA, o que mostra que os clones possuem distintas curvas de crescimento para estas variáveis. A interação ambientes x medições também foi significativa para todas as variáveis, possibilitando inferir que os ambientes influenciam as respostas de crescimento dos clones no decorrer dos anos. A interação tripla ambientes x clones x medições não foi significativa apenas para a variável CAP. Provavelmente isto se deve ao fato de a característica h ser mais susceptível à fertilidade do solo e se alterar mais pronunciadamente com a idade (BARNES; RALSTON, 1955), haja vista que a altura é a principal característica utilizada na ciência florestal para determinar a qualidade de um sítio (GOLFARI, 1971).

Tabela 3 - Análise de variância conjunta para dados de circunferência à altura do peito (CAP), altura total (h) e incremento médio anual (IMA) dos testes clonais pertencentes à Jari celulose, localizados em Almeirim, Pará, Brasil.

Fonte de variação	GL	QM		
		CAP	h	IMA
Ambientes	2	14.624,75*	3.144,60*	35.717,00*
Experimentos (ambientes)	9	951,27*	381,24*	1.415,89*
Repetições (ambientes x experimentos)	24	26,46	7,14	66,96
Clones	89	252,59*	56,30*	799,89*
Clones x Ambientes	178	36,71*	8,66*	133,66*
Clones x Repetições (ambientes x experimentos)	559	23,21	4,70	67,13
Medições	1	20.328,60*	3.955,50*	5.887,00*
Ambientes x Medições	2	229,10*	126,85*	629,50*
Ambientes x Experimentos x Repetições x Medições	33	26,58	6,00	24,79
Clones x Medições	89	9,36*	2,76*	28,40*
Ambientes x Clones x Medições	178	3,30 ns	1,09*	12,18*
Resíduo	575	2,91	0,62	8,60

Fonte: Do autor (2018).

* significativo a 5%; GL: graus de liberdade; QM: quadrado médio; ns: não significativo a 5%.

A interação genótipos x ambientes foi significativa para todas as características avaliadas para a fonte de variação clones x ambientes. Assim, pode-se afirmar que o comportamento dos clones não é coincidente nos três ambientes avaliados. Como os ambientes são diversificados, é natural que esta interação ocorra, o que resulta em diferentes manifestações fenotípicas (NUNES et al., 2002). Este efeito é importante e recomenda-se que seja considerado, no processo de seleção dos clones (OLIVEIRA; BRAZ; BANZATTO, 2005), pelo fato de ali estar embutida a variância genética, influenciando a herdabilidade, o ganho e também as estratégias de seleção (NUNES et al., 2002). Nunes et al. (2002) estimaram a magnitude da interação genótipos x ambientes e estudaram seu efeito na seleção de eucalipto e observaram que a interação genótipos x ambientes teve reflexo expressivo na seleção.

A análise de variância também revelou efeito significativo de tratamentos para todas as características avaliadas. Desta forma, houve diferenças significativas entre clones, com 95% de confiança, em todos os testes e pode-se concluir que existe variabilidade genética entre clones e que é viável a obtenção de ganhos genéticos com a seleção nestas populações.

3.2.2 Modelos mistos admitindo distintas estruturas de matriz residuais

Procedeu-se à predição dos componentes de variância via modelos mistos admitindo-se diferentes estruturas da matriz residual. Esta análise é importante, pois o tipo de matriz de covariância residual afeta a predição dos efeitos aleatórios e fixos estudados no modelo (SANTORO; BARBOSA, 2010). Nas Tabelas 4, 5 e 6 estão apresentados os valores dos componentes de variância, para os modelos de simetria composta (CS), modelo 71 do software Selegen (CS71) (RESENDE, 2002) e a matriz de variância residual não estruturada (UN), respectivamente, para as variáveis CAP, h e IMA.

Tabela 4 - Componentes de variância, para a estrutura de simetria composta, para dados de circunferência à altura do peito (CAP), altura total (h) e incremento médio anual (IMA) de testes clonais, localizados em Almeirim, Pará, Brasil.

Fonte de variação	CAP	h	IMA
Repetições (ambientes x experimentos)	0,00*	0,00*	0,00*
Experimentos (ambientes x medições)	0,67	0,15	0,16
Tratamentos	9,30*	2,20*	26,99*
Tratamentos x Medições	0,75*	0,19*	2,21*
Ambientes x Tratamentos	2,18*	0,57*	9,43*
Ambientes x Tratamentos x Medições	0,10ns	0,16*	1,19*
Tratamentos x Repetições (ambientes x experimentos)	9,95	2,02	28,74
Resíduo	2,93	0,62	8,61

Fonte: Do autor (2018).

* significativo a 5%; ns: não significativo a 5%.

Tabela 5 - Componentes de variância, para o modelo71 do software Selegen (RESENDE, 2002), admitindo a estrutura de simetria composta para circunferência à altura do peito (CAP), altura total (h) e incremento médio anual (IMA) de testes clonais, localizados em Almeirim, Pará, Brasil.

Fonte de variação	CAP	h	IMA
Repetições (ambientes x experimentos)	0,00*	0,00*	0,00*
Experimentos (ambientes x medições)	0,80	0,19	0,52
Tratamentos	9,64*	2,28*	27,96*
Ambientes x Tratamentos	2,22*	0,64*	10,00*
Tratamentos x Repetições (ambientes x experimentos)	9,57	1,86	27,18
Resíduo	3,70	0,95	11,53

Fonte: Do autor (2018).

* significativo a 5%.

Tabela 6 - Componentes de variância, adotando o modelo não estruturado (UN), para dados de circunferência à altura do peito (CAP), altura total (h) e incremento médio anual (IMA) de testes clonais, localizados em Almeirim, Pará, Brasil.

Fontes de variação	CAP	Altura	IMA
Repetições (ambientes x experimentos)	0,00*	0,00*	0,00*
Experimentos (ambientes x medições)	0,69	0,14	0,80
Tratamentos	9,31*	2,19*	27,19*
Tratamentos x Medições	0,71*	0,20*	1,92*
Ambientes x Tratamentos	1,83*	0,63*	8,13*
Ambientes x Tratamentos x Medições	0,82*	0,03 ns	3,88*
Tratamentos x Repetições (ambientes x experimentos)	10,91	1,83	32,37

Fonte: Do autor (2018).

* significativo a 5%; ns: não significativo a 5%.

Ao contrário do modelo fixo, todos os modelos mistos avaliados tiveram efeito significativo de blocos dentro de experimentos e ambientes, para as variáveis CAP, altura e IMA, o que permite inferir que o controle local foi efetivo e que o delineamento experimental foi bem escolhido, possibilitando uma análise mais eficiente. Tanto no modelo fixo, como nos

três modelos mistos avaliados, o fator tratamentos foi significativo, o que possibilita afirmar que existe possibilidade de ganho com a seleção e variabilidade genética entre os clones para todas as variáveis avaliadas. A interação ambientes x tratamentos foi significativa, para todos os modelos mistos e variáveis analisadas, corroborando com o modelo fixo em relação ao comportamento não coincidente dos clones nos ambientes avaliados e à necessidade de se considerar este fenômeno no processo de seleção de clones comerciais.

Os modelos CS e UN tiveram efeito significativo para tratamentos x medições, mostrando que os clones de eucalipto possuem curvas distintas de crescimento, para as variáveis CAP, altura e IMA, fato comum e bastante estabelecido na ciência florestal, estudado em diversos trabalhos. Estudos mostram que clones de *E. grandis* x *E. urophylla* apresentam curvas de crescimento, estatisticamente diferentes, desde a fase inicial de vida (BARRETO et al., 2007; TIBURCIO et al., 2012), para todas as partes vegetais tais como a área foliar (REIS, 2006; XAVIER; SOARES; ALMEIDA, 2002) e raízes (MEDEIROS et al., 2016), o que afeta o crescimento de biomassa do tronco, almejado comercialmente.

Considerando o modelo CS, a interação tripla ambientes x tratamentos x medições não foi significativa apenas para a variável CAP. Já, para o modelo UN, a interação tripla não foi significativa apenas para altura. Ambos os modelos foram significativos para a variável IMA. Desta forma, pode-se concluir que a escolha adequada da estrutura da matriz de variâncias e covariâncias residuais, para um dado grupo de experimentos, varia de acordo com a característica avaliada, fato também observado por Silva, Duarte e Reis (2015), reforçando a necessidade de estudos como este.

3.3 Critério de informação Bayesiano (BIC) e acurácia seletiva

Os valores do BIC, para os diferentes modelos ajustados para CAP, altura e IMA, estão apresentados na Tabela 7. De acordo com a estatística BIC, o modelo fixo apresenta maior erro de predição e pior estrutura de covariâncias para a característica altura. O melhor modelo testado foi obtido com o uso de modelos mistos com a estrutura de matriz residual de simetria composta (CS). Entretanto o modelo CS71 apresentou valores bastante próximos ao de CS para todas as variáveis avaliadas. A estrutura da matriz residual não estruturada (UN) foi superior ao modelo fixo apenas para a variável altura. Este resultado mostra que o modelo adequado, para um mesmo grupo de experimentos, é altamente influenciado pela característica avaliada. Assim, a estrutura mais adequada, em cada caso, depende do caráter avaliado e deve-se testar a estrutura, de acordo com a situação em questão.

Silva, Duarte e Reis (2015) avaliaram diferentes estruturas da matriz de variâncias e covariâncias residuais, quanto ao ajustamento de dados longitudinais via modelos mistos, em experimentos varietais de cana-de-açúcar e concluíram que a matriz não estruturada e a matriz de simetria composta heterogênea, nesta ordem, tiveram os melhores ajustes dentre os modelos testados para a variável toneladas de colmos por hectare. Schmit et al. (2015) estudaram *Eucalyptus globulus* sob diferentes condições hídricas e testaram diferentes estruturas de variância e covariância (não estruturada, autorregressiva de primeira ordem, autorregressiva heterogênea de primeira ordem e simetria composta heterogênea) e concluíram que a melhor estrutura foi a não estruturada.

Tabela 7 - Critério de informação Bayesiano, para os modelos avaliados, considerando as variáveis circunferência à altura do peito (CAP), altura total (h) e incremento médio anual (IMA), para dados de testes clonais pertencentes à Jari celulose, localizados em Almeirim, Pará, Brasil.

Características	Fixo	CS	CS71	UN
CAP	13440,33	5881,00	5939,40	17083,36
Altura	10785,33	3361,10	3474,21	4633,25
IMA	15296,19	7731,54	7797,52	45480,25

Fonte: Do autor (2018).

CS: simetria composta; CS71: modelo 71 do software Selegen (RESENDE, 2002); UN: não estruturada.

Como verificado na Tabela 7, é notável a obtenção de menores erros de predição e parcimônia com o uso dos modelos mistos em comparação ao modelo fixo. A maior eficiência verificada, neste trabalho, também, está relacionada aos preditores do modelo misto, que possuem menor variância do que os estimadores advindos do modelo fixo, resultando em inferências mais confiáveis (DUARTE; VENCOSKY, 2001; HENDERSON, 1975).

Duarte e Vencovsky (2001) compararam o modelo linear fixo com o modelo linear misto e concluíram que o modelo misto proporcionou maior homogeneidade das médias de tratamentos e possibilidade de seleção de diferentes tratamentos genéticos, mesmo quando a variância genética foi baixa, em relação à variância do erro, para ensaios não ortogonais e desbalanceados. O resultado apresentado, neste trabalho e de Duarte e Vencovsky (2001), corroboram com muitas publicações que relatam a grande eficiência dos modelos mistos no melhoramento genético de plantas e animais (AZEVEDO et al., 2015; CARVALHO et al., 2016; KARIN, 2007; MISSIO et al., 2004; PEDROZO et al., 2009; PINHEIRO et al., 2013; RESENDE, 2002; SILVA; DUARTE; REIS, 2015; SORENSEN; KENNEDY, 1984; SOUZA et al., 2002; TORRES et al., 2015).

A escolha do método utilizado, para a predição dos valores genéticos, deve propiciar inferências mais precisas e realistas e deve ser avaliado, considerando parâmetros estatísticos e genéticos adequados (RESENDE; DUARTE, 2007). Para Henderson (1984), a acurácia seletiva na avaliação genotípica é o parâmetro mais importante para realizar esta avaliação. Rocha et al. (2006) utilizaram este parâmetro, para concluir que o procedimento REML foi o mais adequado, para realizar as estimativas de parâmetros genéticos, estudando cinco populações de *Eucalyptus urophylla*.

A acurácia demonstra valores mais próximos de 1 quanto menores são os desvios entre o valor genético real e os estimados/preditos. Resende e Duarte (2007) estabelecem como meta, para ensaios de avaliação de cultivares, valores de acurácia acima ou igual a 90%, classificando como alta acurácia valores acima de 70% e acurácia muito alta valores acima de 90%. Assim, os valores de acurácia obtidos para os modelos CS, CS71 e fixo atingiram esta meta e foram classificados como muito alto, para todas variáveis avaliadas (TABELA 8); apenas o modelo UN não obteve valores de acurácia acima de 90%, visto que este modelo também apresentou os piores valores de BIC para as variáveis CAP e IMA.

Tabela 8 - Acurácia seletiva para as variáveis circunferência à altura do peito (CAP), altura total (h) e incremento médio anual (IMA), para dados de testes clonais, localizados em Almeirim, Pará, Brasil.

Características	Fixo	CS	CS71	UN
CAP	0,95	0,93	0,93	0,87
Altura	0,96	0,94	0,94	0,88
IMA	0,96	0,93	0,93	0,86

Fonte: Do autor (2018).

CS: simetria composta; CS71: modelo 71 do software Selegen (RESENDE, 2002); UN: não estruturada.

3.4 Alteração no ordenamento dos clones avaliados

Visando verificar como as distintas modelagens afetaram o ordenamento dos clones candidatos à seleção, procedeu-se a estimativas da correlação de Pearson entre os modelos estudados (TABELA 9) e, posteriormente, foi estimado o índice de coincidência, ao se selecionar sob quatro intensidades de seleção (TABELA 10). O coeficiente de correlação de Pearson é um parâmetro de associação linear entre variáveis quantitativas (FIGUEIREDO FILHO; SILVA JUNIOR, 2009), muito utilizado pela comunidade científica. Sua amplitude varia de -1 a 1; zero representa a ausência de correlação e os extremos indicam correlação máxima entre as variáveis analisadas (ADLER; PARMRYD, 2010).

Os resultados mostram que os modelos foram altamente correlacionados, para todas as variáveis e as menores correlações foram entre o modelo fixo e os modelos mistos. O modelo CS foi altamente correlacionado com o CS71 e UN. A estrutura CS71 foi 100% correlacionada com a estrutura UN para todas as variáveis. Apenas para a característica IMA, o modelo CS teve correlação de 100% como modelo fixo (TABELA 9).

Tabela 9 - Correlação de Pearson entre os modelos para as variáveis circunferência à altura do peito (CAP), altura total (h) e incremento médio anual (IMA) dos testes clonais de *Eucalyptus* sp. pertencentes à Jari celulose, localizados em Almeirim, Pará, Brasil.

Variável		Fixo	CS	CS71	UN
CAP	Fixo	1,00	0,96	0,96	0,96
	CS	0,96	1,00	1,00	1,00
	CS71	0,96	1,00	1,00	1,00
	UN	0,96	1,00	1,00	1,00
Altura	Fixo	1,00	0,89	0,89	0,89
	CS	0,89	1,00	1,00	1,00
	CS71	0,89	1,00	1,00	1,00
	UN	0,89	1,00	1,00	1,00
IMA	Fixo	1,00	1,00	0,96	0,96
	CS	0,96	1,00	1,00	1,00
	CS71	0,96	1,00	1,00	1,00
	UN	0,96	1,00	1,00	1,00

Fonte: Do autor (2018).

CS: simetria composta; CS71: modelo 71 do software Selegen (RESENDE, 2002); UN: não estruturada.

Os resultados obtidos pela correlação de Pearson entre os modelos mostram informações distintas, quando comparamos os índices de coincidência, para as variáveis CAP, altura e IMA, considerando os modelos fixo, CS, CS71 e UN (TABELA 10). Desta forma, percebe-se a necessidade de complementar a correlação de Pearson com uma análise mais intensa, em relação à alteração no ordenamento dos indivíduos, por meio do índice de coincidência sob diversas intensidades de seleção, a fim de se ter um conhecimento mais realista do impacto do índice de seleção, de acordo com a abordagem escolhida para a modelagem.

Tabela 10 - Índice de coincidência para as variáveis circunferência à altura do peito (CAP), altura total (h) e incremento médio anual (IMA), para dados de testes clonais de *Eucalyptus* sp. pertencentes à Jari celulose, localizados em Almeirim, Pará, Brasil.

Modelo	IS	CAP				Altura				IMA			
		fixo	CS	CS71	UN	fixo	CS	CS71	UN	fixo	CS	CS71	UN
fixo	10%	1	1	1	1	1	0,78	0,78	0,78	1	0,89	0,89	0,78
fixo	20%	1	0,78	0,78	0,78	1	0,83	0,83	0,83	1	0,83	0,83	0,83
fixo	30%	1	0,89	0,89	0,89	1	0,81	0,81	0,81	1	0,85	0,85	0,85
fixo	40%	1	0,83	0,83	0,83	1	0,69	0,69	0,69	1	0,89	0,89	0,89
CS	10%	1	1	1	1	0,78	1	1	1	0,89	1	1	0,78
CS	20%	0,78	1	1	1	0,83	1	1	1	0,83	1	1	0,89
CS	30%	0,89	1	1	1	0,81	1	1	1	0,85	1	1	1
CS	40%	0,83	1	1	1	0,69	1	1	1	0,89	1	1	1
CS71	10%	1	1	1	1	0,78	1	1	1	0,89	1	1	0,78
CS71	20%	0,78	1	1	1	0,83	1	1	1	0,83	1	1	0,89
CS71	30%	0,89	1	1	1	0,81	1	1	1	0,85	1	1	1
CS71	40%	0,83	1	1	1	0,69	1	1	1	0,89	1	1	1
UN	10%	1	1	1	1	0,78	1	1	1	0,78	0,78	0,78	1
UN	20%	0,78	1	1	1	0,83	1	1	1	0,83	0,89	0,89	1
UN	30%	0,89	1	1	1	0,81	1	1	1	0,85	1	1	1
UN	40%	0,83	1	1	1	0,69	1	1	1	0,89	1	1	1

Fonte: Do autor (2018).

CS: simetria composta; CS71: modelo 71 do software Selegen (RESENDE, 2002); UN: não estruturada.

Para uma intensidade de seleção de 10% do número total de clones avaliados, a característica CAP foi 100% coincidente com os quatro modelos testados. Contudo, quando se consideram intensidades de seleção maiores que 10%, evidencia-se um aumento na divergência entre o modelo fixo e os três modelos mistos avaliados. Essa diminuição da coincidência de seleção pode chegar a 0,78 para a intensidade de seleção de 20% dos clones geneticamente superiores (TABELA 10).

Não houve diferença no ordenamento dos clones, quando comparados os modelos CS, CS71 e UN, para as variáveis CAP e altura, em nenhuma das quatro intensidades de seleção. As diferenças entre os modelos CS, CS71 e UN ocorreram apenas para a variável IMA, nas intensidades de seleção de 10 e 20%, apresentando valores de 0,78 e 0,89, respectivamente. Ainda para IMA, os modelos CS e CS71 não tiveram diferenças no ordenamento dos clones sob nenhuma das intensidades de seleção avaliadas, corroborando com os resultados obtidos com a correlação de Pearson.

Para a variável altura, não ocorreu 100% de coincidência entre o modelo fixo e os três modelos mistos, em nenhuma das quatro intensidades de seleção avaliadas, pois o maior índice de coincidência (0,83) ocorreu sob a intensidade de seleção de 20% e o menor índice de coincidência (0,69) ocorreu, quando selecionaram-se 40% dos clones avaliados.

Considerando a variável IMA, os modelos CS e CS71 apresentaram coincidência com o modelo UN de apenas 0,78 para a intensidade de seleção de 10% e 0,89 para intensidade de seleção de 20% (TABELA 10).

Nas intensidades de seleção maiores que 20%, os três modelos mistos (CS, CS71 e UN) apresentaram resultado de seleção idênticos. Para a variável IMA, ao se comparar os três modelos mistos, adotados neste trabalho, com o modelo fixo, na intensidade de seleção de 10%, conclui-se que a estrutura da matriz de variância residual que menos se aproxima do modelo fixo foi a UN, pois este modelo apresentou índice de coincidência de 0,78 enquanto os modelos CS e CS71 apresentaram coincidência de 0,89 quando comparados ao modelo fixo.

4 CONCLUSÃO

De acordo com o critério de informação bayesiano, o ajuste via modelos mistos foi o mais adequado, para este grupo de testes clonais, situados em três ambientes distintos no bioma Amazônico, avaliados aos três e seis anos. A abordagem via modelos mistos, utilizando a estrutura de matriz de variâncias e covariâncias residuais (R), denominada Simetria Composta (CS), que pressupõe que as variâncias são homogêneas e as covariâncias constantes, resultou no melhor ajuste para as variáveis CAP, altura e IMA, empregando menor número de parâmetros e atingindo menores erros de predição. Adicionalmente, esta estrutura de matriz de variâncias e covariâncias residuais apresentou valores de acurácia seletiva classificados como muito alto, para as três variáveis consideradas, consagrando-se como a mais adequada para analisar os dados de testes clonais de eucalipto com medidas repetidas. Este estudo mostrou que a avaliação de distintas estruturas da matriz (R) impacta na acurácia seletiva e que distintas estruturas devem ser consideradas para se alcançar inferências mais precisas sobre os valores genotípicos e o ordenamento das cultivares avaliadas. Esta é uma ação importante e decisiva, já que o programa de melhoramento genético depende do acerto na escolha dos indivíduos geneticamente superiores.

REFERÊNCIAS

- ADLER, J.; PARMRYD, I. Quantifying colocalization by correlation: the Pearson correlation coefficient is superior to the Mander's overlap coefficient. **Cytometry Part A**, Herzzentrum, v. 77, n. 8, p. 733-742, 2010.
- ALVARES, C. A. et al. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013.
- AMORIM, P. et al. **Diagnostico econômico-ambiental do município de Almeirim, Pará**. Belém: Instituto Floresta Tropical, 2010. 134 p.
- AZEVEDO, A. L. P. et al. Seleção genética em progênies de *Eucalyptus camaldulensis* em área de cerrado matogrossense. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 45, n. 11, p. 2001-2006, 2015.
- BARNES, R. L.; RALSTON, C. W. **Soil-factors related to growth and yield of slash pine plantation**. Gainesville: University of Florida, 1955. 23 p. (Florida Agriculture Experimental Stations, 559).
- BARTLETT, M. S. Properties of sufficiency and statistical tests. **Proceeding of the Royal Society**, London, v. 160, n. 901, p. 268-282, 1937.
- BARRETO, V. C. de M. et al. Eficiência de uso de boro no crescimento de clones de eucalipto em vasos. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 76, p. 21-33, dez. 2007.
- BURNHAM, K. P.; ANDERSON, D. R. Multimodel inference understanding AIC and BIC in model selection. **Sociological Methods & Research**, Beverly, v. 33, n. 2, p. 261-304, Nov. 2004.
- CARVALHO, L. P. D. et al. Use of REML/BLUP methodology for selecting cotton genotypes with higher adaptability and productive stability. **Bragantia**, Campinas, v. 75, n. 3, p. 314-321, jul./set. 2016.
- COCHRAN, W. G. Some consequences when the assumptions for the analysis of variance are not satisfied. **Biometrics**, Raleigh, v. 3, n. 1, p. 22-38, 1947.
- DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 58, n. 1, p. 109-117, 2001.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Rio de Janeiro, 2006. 306 p.
- FIGUEIREDO FILHO, D. B.; SILVA JÚNIOR, J. A. D. Desvendando os mistérios do coeficiente de correlação de Pearson. **Revista Política Hoje**, Recife, v. 18, n. 1, p. 115-146, 2009.

GOLFARI, L. **Coníferas aptas para reflorestamento nos estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul**. Rio de Janeiro: Instituto Brasileiro de Desenvolvimento Florestal, 1971. 71 p.

HARTLEY, H. O. The maximum F-ratio as a short-cut test for heterogeneity of variance. **Biometrika**, Raleigh, v. 37, n. 3, p. 308-312, 1950.

HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984. 462 p.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, Washington, v. 31, p. 423-447, 1975.

KARIN, M. W. A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University**, Zhejiang Sheng, v. 8, n. 11, p. 815-821, 2007.

MCGUINNESS, K. A. Of rowing boats, ocean liners and tests of the ANOVA homogeneity of variance assumption. **Austral Ecology**, Carlton, v. 27, n. 6, p. 681-688, 2002.

MCTAGUE, J. P. et al. Equações de volume total, volume comercial e forma do tronco para plantações de eucalyptus nos estados de São Paulo e Rio de Janeiro. **Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais**, Piracicaba, n. 41/42, p. 56-63, 1989.

MEDEIROS, W. N. et al. Crescimento inicial e concentração de nutrientes em clones de *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus grandis* sob interferência de plantas daninhas. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 26, n. 1, p. 147-157, jan./mar. 2016.

MISSIO, R. F. et al. Selection of *Pinus caribaea* var. *bahamensis* progenies based on the predicted genetic value. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Vicosa, MG, v. 4, n. 1, p. 399-407, 2004.

NUNES, S. G. et al. Implicações da interação genótipos x ambientes na seleção de clones de eucalipto. **Cerne**, Lavras, v. 8, n. 1, p. 49-58, 2002.

OLIVEIRA, C. D.; BRAZ, L. T.; BANZATTO, D. A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de cenoura. **Horticultura Brasileira**, Brasília, DF, v. 23, n. 3, p. 743-748, 2005.

PEDROZO, C. A. et al. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 10, n. 1, p. 31-36, 2009.

PINHEIRO, L. C. de M. et al. Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e proteína em soja via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 48, n. 9, p. 1246-1253, set. 2013.

POTTS, B. M.; DUNGEY, H. S. Interspecific hybridization of *Eucalyptus*: key issues for breeders and geneticists. **New Forests**, West Lafayette, v. 27, n. 2, p. 115-138, 2004.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R**: a language and environment for statistical computing. Vienna, 2017. Software.

REIS, G. G. Crescimento de raízes e da parte aérea de clones de híbridos de *Eucalyptus grandis* x *Eucalyptus urophylla* e de *Eucalyptus camaldulensis* x *Eucalyptus* spp. submetidos a dois regimes de irrigação no campo. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 30, n. 6, p. 921-931, 2006.

RESENDE, M. D. V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2000. (Documento, 47).

RESENDE, M. D. V. **Software Selegen-REML/BLUP**. Curitiba: EMBRAPA Florestas, 2002. 67 p. (Documentos, 77).

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

REZENDE, M. A.; FERRAZ, E. S. B. Incrementos anuais de volume, massa e idade ideal de corte para *Eucalyptus grandis*. **IPEF**, Piracicaba, n. 32, p. 43-48, 1986.

ROCHA, M. D. G. B. et al. Avaliação genética de progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* utilizando os procedimentos REML/BLUP e E (QM). **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 16, n. 2, p. 369-379, 2006.

ROSADO, A. M. et al. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 44, n. 12, p. 1653-1659, 2009.

SANTORO, K. R.; BARBOSA, S. B. P. Influência da estrutura da matriz de covariâncias na classificação de reprodutores caprinos. **Archivos de Zootecnia**, Cordoba, v. 59, n. 227, p. 345-355, 2010.

SCHMIT, R. et al. Longitudinal analysis in the selection of *Eucalyptus globulus* clones under contrasting water availability conditions. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 43, n. 105, p. 217-224, 2015.

SCHWARZ, G. Estimating the dimensional of a model. **The Annals of Statistics**, Hayward, v. 6, n. 2, p. 461-464, Mar. 1978.

SILVA, E. N.; DUARTE, J. B.; REIS, A. J. S. Seleção da matriz de variância-covariância residual na análise de ensaios varietais com medidas repetidas em cana-de-açúcar. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 45, n. 6, p. 993-999, 2015.

SORENSEN, D. A.; KENNEDY, B. W. Estimation of response to selection using least-squares and mixed model methodology. **Journal of Animal Science**, Oxford, v. 58, n. 5, p. 1097-1106, 1984.

SOUZA, A. G. C. et al. The cupuaçu genetic improvement program at Embrapa Amazônia Ocidental. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Vicosa, MG, v. 2, n. 3, p. 471-478, 2002.

TIBURCIO, R. A. S. de et al. Crescimento de mudas de clones de eucalipto submetidos à deriva simulada de diferentes herbicidas. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 36, n. 1, p. 65-73, 2012.

TORRES, F. E. et al. Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. **Bragantia**, Campinas, v. 74, n. 3, p. 255-260, 2015.

XAVIER, A. C.; SOARES, J. V.; ALMEIDA, A. C. Variação do índice de área foliar em clones de eucalipto ao longo de seu ciclo de crescimento. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 26, n. 4, p. 421-427, 2002.