

ISBN 978-85-89281-16-4

SELEGEN-REML/BLUP

Sistema Estatístico e Seleção Genética
Computadorizada via Modelos Lineares Mistos

Marcos Deon Vilela de Resende

Embrapa

SELEGEN-REML/BLUP

Sistema Estatístico e Seleção Genética
Computadorizada via Modelos Lineares Mistos

*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Florestas
Ministério da Agricultura e do Abastecimento*

SELEGEN-REML/BLUP
Sistema Estatístico e Seleção Genética
Computadorizada via Modelos Lineares Mistos

Marcos Deon Vilela de Resende

Embrapa Florestas
Colombo, PR
2007

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Florestas

Estrada da Ribeira, Km 111, Guraituba,

83411 000 - Colombo, PR - Brasil

Caixa Postal: 319

Fone/Fax: (41) 3675 5600

Home page: www.cnpf.embrapa.br

E-mail: sac@cnpf.embrapa.br

Comitê de Publicações da Unidade

Presidente: Luiz Roberto Graça

Secretária-Executiva: Elisabete Marques Oaida

Membros: Álvaro Figueredo dos Santos, Edilson Batista de Oliveira,

Honorino Roque Rodighieri, Ivar Wendling, Maria Augusta Doetzer Rosot,

Patrícia Póvoa de Mattos, Sandra Bos Mikich, Sérgio Ahrens

Supervisão editorial: Luiz Roberto Graça

Revisão de texto: Mauro Marcelo Berté

Normalização bibliográfica: Lidia Woronkoff

Editoração eletrônica: Mauro Marcelo Berté

Capa: Mauro Marcelo Berté

1ª edição

1ª impressão (2007): 500 exemplares

Todos os direitos reservados

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

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Embrapa Florestas

Resende, Marcos Deon Vilela de.

Software SELEGEN-REML/BLUP : sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos / Marcos Deon Vilela de Resende. – Colombo : Embrapa Florestas, 2007.

359 p.

ISBN 978-85-89281-16-4

1. Software. I. Título. II. Título: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos.

CDD 005.369 (21. ed.)

© Embrapa 2007

Autor

Marcos Deon Vilela de Resende
Estatístico, Pós-Doutor,
Pesquisador da *Embrapa Florestas*,
marcos.deon@pq.cnpq.br

Apresentação

A presente publicação aborda os modelos estatísticos empregados no *software* Selegen-Reml/Blup, um sistema estatístico destinado à análise de experimentos agropecuários e florestais e à seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos e máxima verossimilhança residual.

Essa obra e software resultam da pesquisa científica conduzida pelo autor durante seus 20 anos de carreira profissional. Recomenda-se o seu uso juntamente com outras duas obras do autor: “*Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes (2002)*” e “*Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético (2007)*”.

Moacir José Sales Medrado
Chefe-Geral
Embrapa Florestas

Dedicatória

Às minhas filhas Annelise e Anna Carolina pela inspiração e forças para conduzir o meu trabalho.
Muitos beijos para vocês.

Sumário

1 HISTÓRICO DO SELEGEN-REML/BLUP	21
2 ALGORITMO MATEMÁTICO E COMPUTACIONAL	24
3 PROCEDIMENTOS ESTATÍSTICOS, MATEMÁTICOS E GENÉTICOS.....	28
3.1 Descrição Geral dos Procedimentos	28
3.2 Procedimento Ótimo de Avaliação Genotípica e Significância dos Efeitos do Modelo	45
4 AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS (ACESSOS, CULTIVARES, CLONES, HÍBRIDOS, LINHAGENS E FAMÍLIAS) EM VÁRIAS REPETIÇÕES - UMA OBSERVAÇÃO POR PARCELA	47
4.1 Avaliação em um só Local e em uma só Colheita	48
4.1.1 Blocos Completos (Modelos 20, 21 e 96)	48
4.1.2 Blocos Incompletos (Modelos 16 e 17)	51
4.1.3 Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 119)	52
4.1.4 Delineamento em Blocos Aumentados (Incompletos): Modelos 74 e 76	53
4.1.5 Delineamento Inteiramente ao Acaso (DIC): Modelo 83	55
4.1.6 Delineamento Linha-Coluna: Modelo 58	56
4.1.7 Ausência de Delineamento experimental: Modelo 58	57
4.1.8 Avaliação em um só Local e Safra - Grupos de Experimentos: Modelos 16 ou 17	58
4.2 Avaliação em Vários Locais e em uma só Colheita	59
4.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelos 23 e 25)	61
4.2.2 Blocos Incompletos em Vários Locais (Modelos 11 e 26)	63

4.2.3 Delineamento em Blocos Aumentados (Incompletos) em Vários Locais – Método MHPRVG: Modelos 75 e 77	65
4.2.4 Delineamento em Blocos Completos em Vários Locais e uma Observação por Parcela – Método MHPRVG: Modelo 54	72
4.2.5. Delineamento em Blocos Incompletos em Vários Locais e Uma Observação por Parcela – Método MHPRVG: Modelo 52	73
4.2.6 Avaliação em Vários Locais e em uma só Safra - Grupos de Experimentos: Modelos 11 ou 16 e 52	75
4.3 Avaliação em um só Local e em Várias Colheitas	79
4.3.1 Modelo Básico de Repetibilidade sem Delineamento (Modelo 63)	83
4.3.2 Delineamento em Blocos Completos (Modelos 28 e 29)	85
4.3.3 Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice (Modelo 70)	86
4.3.4 Delineamento em Blocos Aumentados com Testemunha de Efeito Aleatório (Modelo 70) .	88
4.3.5 Delineamento em Blocos Aumentados com Testemunha de Efeito Fixo (Modelo 68)	90
4.3.6 Delineamento em Blocos Completos com Estabilidade e Adaptabilidade Temporal (Método MHPRVG) – Estrutura CS: Modelo 55	92
4.3.7 Delineamento em Blocos Incompletos com Estabilidade e Adaptabilidade Temporal (Método MHPRVG) - Modelo 78	96
4.4 Avaliação em Vários Locais e em Várias Colheitas (Culturas Perenes).....	97
4.4.1 Delineamento em Blocos Completos, Vários Locais e Várias Colheitas (Modelo 69)	100
4.4.2 Delineamento em Blocos Incompletos, Vários Locais e Várias Colheitas (Modelo 71)	102
4.4.3 Delineamento em Blocos Completos com Estabilidade e Adaptabilidade – Método MHPRVG: Modelo 151	104
4.4.4 Delineamento em Blocos Incompletos com Estabilidade e Adaptabilidade – Método MHPRVG: Modelo 152	106
4.4.5 Delineamento em Blocos Aumentados com Testemunhas de Efeito Aleatório - Estabilidade e Adaptabilidade pelo Método MHPRVG: Modelo 152	108
4.4.6 Delineamento em Blocos Aumentados com Testemunhas de Efeito Fixo - Estabilidade e Adaptabilidade pelo Método MHPRVG: Modelo 153	109
4.4.7. Delineamento em Blocos Completos: Modelo CS ou Modelo Simultâneo de Repetibilidade, Herdabilidade, Interação Genótipos x Locais, Interação Genótipos x colheitas e Interação Tripla (Modelo 155).....	112
4.5 Avaliação em Vários Locais e em Várias Anos (Culturas Anuais).....	114

4.5.1 Delineamento em Blocos Completos com Interação Tripla e Estabilidade e Adaptabilidade – Método MHPRVG: Modelo 114	115
4.5.2 Delineamento em Blocos Completos sem Interação Tripla e Estabilidade e Adaptabilidade – Método MHPRVG: Modelo 115	117
5 AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS (ACESSOS, CULTIVARES, CLONES, HÍBRIDOS, LINHAGENS E FAMÍLIAS) EM VÁRIAS REPETIÇÕES - VÁRIAS OBSERVAÇÕES POR PARCELA	119
5.1 Avaliação em um Local e em uma Colheita	119
5.1.1 Blocos Completos (Modelos 2, 18 e 94)	120
5.1.2 Blocos Incompletos (Modelo 7)	121
5.1.3 Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 127)	123
5.1.4 Delineamento Inteiramente ao Acaso (DIC): Modelo 81	124
5.1.5 Delineamento Linha-Coluna: Modelo 57	125
5.2 Avaliação em Vários Locais e em uma Safra	127
5.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelo 3)	127
5.2.2 Blocos Incompletos em Vários Locais (Modelo 12)	129
5.2.3 Blocos Completos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 128)	131
5.2.4 Blocos Incompletos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 129)	133
5.2.5 Delineamento em Blocos Completos em Vários Locais e Várias Observações por Parcela – Método MHPRVG: Modelos 51	135
5.2.6 Delineamento em Blocos Incompletos em Vários Locais e Várias Observações por Parcela – Método MHPRVG: Modelos 53	137
5.3 Avaliação em um Local e em Várias Colheitas ou Safras (Culturas Perenes)	139
5.3.1 Delineamento em Blocos Completos (Modelo 9 e 27)	140
5.3.2 Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice (Modelo 66)	142
5.3.3 Delineamento em Blocos Completos com Estabilidade e Adaptabilidade Temporal – Método MHPRVG: Modelo 79	144
5.3.4 Delineamento em Blocos Completos: Medidas Repetidas via Modelo Fatorial Completo ou Estrutura de Simetria Composta (Modelo 116)	146
5.4 Avaliação em Vários Locais e em Várias Colheitas ou Safras (Culturas Perenes)	148
5.4.1 Delineamento em Blocos Completos, Vários Locais e Várias Safras (Modelo 64)	148
5.4.2 Delineamento em Blocos Incompletos, Vários Locais e Várias Safras (Modelo 72)	150

5.4.3 Delineamento em Blocos Incompletos, Vários Locais e Várias Safras, com Covariável (Modelo 130).....	154
---	-----

6 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS (OU POLINIZAÇÃO ABERTA EM ESPÉCIES ALÓGAMAS) - UMA OBSERVAÇÃO POR PARCELA..... 157

6.1 Avaliação em um Local e em uma Colheita ou Safra 157

6.1.1 Blocos Completos (Modelos 19 e 95)	158
--	-----

6.1.2 Blocos Incompletos (Modelo 15)	160
--	-----

6.1.3 Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 135)	162
---	-----

6.1.4 Blocos Incompletos, Análise com Covariável (Modelo 137)	163
---	-----

6.1.5 Delineamento Inteiramente ao Acaso (DIC): (Modelo 82)	164
---	-----

6.2 Avaliação em Vários Locais e em uma só Colheita ou Safra..... 165

6.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelo 22)	166
---	-----

6.2.2 Blocos Incompletos em Vários Locais (Modelo 10)	167
---	-----

6.2.3 Blocos Completos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 136)	169
--	-----

6.2.4 Blocos Incompletos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 138)	170
--	-----

7 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS (OU POLINIZAÇÃO ABERTA EM ESPÉCIES ALÓGAMAS) – VÁRIAS OBSERVAÇÕES POR PARCELA..... 172

7.1 Avaliação em um Local e em uma Colheita 172

7.1.1 Blocos Completos (Modelos 1 e 93)	173
---	-----

7.1.2 Blocos Incompletos (Modelo 6)	174
---	-----

7.1.3 Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 131)	176
---	-----

7.1.4 Blocos Incompletos, Análise com Covariável (Modelo 133)	178
---	-----

7.1.5 Delineamento Inteiramente ao Acaso (DIC): Modelo 80	180
---	-----

7.1.6 Delineamento Linha-Coluna: Modelo 56	181
--	-----

7.1.7 Delineamento de “Parejas” Dentro de Bloco: Modelo 158	182
---	-----

7.1.8 Delineamento de “Parejas” Dentro de Bloco, com Desbaste: Modelo 159	184
---	-----

7.2 Avaliação em Vários Locais e em uma Colheita 185

7.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelo 4)	186
--	-----

7.2.2 Blocos Incompletos em Vários Locais (Modelo 13)	188
---	-----

7.2.3 Blocos Completos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 132)	190
--	-----

7.2.4 Blocos Incompletos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 134)	192
7.3 Avaliação em um Local e em Várias Colheitas (Culturas Perenes)	194
7.3.1 Delineamento em Blocos Completos com Resultado por Indivíduo (Modelo 8)	196
7.3.2 Delineamento em Blocos Completos com Resultado por Indivíduo e Colheita, com Estabilidade e Adaptabilidade Temporal pelo Método MHPRVG (Modelo 62)	198
7.3.3 Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice (Modelo 67)	200
7.4 Avaliação em Vários Locais e em Várias Colheitas (Culturas Perenes)	202
7.4.1 Delineamento em Blocos Completos, Vários Locais e Várias Colheitas (Modelo 65)	203
7.4.2 Delineamento em Blocos Incompletos, Vários Locais e Várias Colheitas (Modelo 73) ...	205
7.5 Avaliação em Várias Populações	209
7.5.1 Blocos Completos, Várias Populações, Progênes de Meios Irmãos em um Local (Modelo 5)	209
7.5.2 Blocos Completos, Várias Populações, Progênes de Meios Irmãos em Vários Locais: Modelo 14	211
7.5.3. Blocos Completos, Várias Populações, sem Estrutura de Progênes, em um Local: Modelo 24	213
7.5.4 Delineamento em Blocos Completos, Várias Populações e Várias Safras (Modelo 154)	214
8 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNES F3 DE PLANTAS AUTÓGAMAS OU S1 DE PLANTAS ALÓGAMAS – VÁRIAS OBSERVAÇÕES POR PARCELA	217
8.1 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Linhagens Derivadas de um só Cruzamento ou População F2: Modelo 59	218
8.2 Avaliação em um Local sem Delineamento Experimental (ou em Blocos Aumentados), Linhagens Derivadas de um só Cruzamento ou População F2: Modelo 60	219
8.3 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Linhagens Derivadas de Vários Cruzamentos ou Populações F2: Modelo 61	221
9 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNES DE IRMÃOS GERMANOS DE PLANTAS ALÓGAMAS – VÁRIAS OBSERVAÇÕES POR PARCELA	222
9.1 Um Local e uma Safra, Blocos Completos (Modelo 147)	223
9.2 Vários Locais e uma Safra, Blocos Completos (Modelo 148)	224
9.3 Um Local e uma Safra, Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 145)	226
9.4 Vários Locais e uma Safra, Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 146)	228

10 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNIES S1 DE POPULAÇÕES COM SISTEMA REPRODUTIVO MISTO	230
10.1 Avaliação de Progênies S1 em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênies de uma só População, Várias Plantas por Parcela: Modelo 107	231
10.2 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênies de uma só População, Uma Planta por Parcela: Modelo 108	232
10.3 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênies de Várias Populações, Várias Plantas por Parcela: Modelo 109	233
11 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE PLANTAS COM SISTEMA REPRODUTIVO MISTO	235
11.1 Avaliação de Indivíduos em Progênies de Polinização Aberta em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênies de uma só População, Várias Plantas por Parcela: Modelo 110	235
11.2 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênies de uma só População, Uma Planta por Parcela: Modelo 111	236
11.3 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênies de Várias Populações, Várias Plantas por Parcela: Modelo 112	237
12 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNIES DE IRMÃOS GERMANOS OBTIDAS SOB CRUZAMENTOS FATORIAIS OU DIALÉLICOS INTERPOPULACIONAIS	239
12.1 Avaliação em um Local e em uma Safra	240
12.1.1 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Espécies Alógamas (Modelo 87)	241
12.1.2 Blocos Completos com Várias Plantas por Parcela, Espécies Alógamas (Modelo 88)	243
12.1.3 Blocos Incompletos com Uma Planta por Parcela, Espécies Alógamas (Modelo 90)	245
12.1.4 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Cruzamento entre Linhagens Completamente Endogâmicas (Modelo 98)	247
12.1.5 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Espécies Alógamas, Análise com Covariável (Modelo 140)	249
12.1.6 Blocos Completos com Várias Plantas por Parcela, Espécies Alógamas, Análise com Covariável (Modelo 139)	250
12.2 Avaliação em Vários Locais e em uma Safra	252
12.2.1 Blocos Completos com Várias Plantas por Parcela, Espécies Alógamas, Vários Locais (Modelo 89)	253
12.2.2 Blocos Incompletos com Uma Planta por Parcela, Espécies Alógamas, Vários Locais (Modelo 91)	255
12.3 Avaliação em um Local e Várias Safras (Culturas Perenes)	257

12.3.1 Blocos Completos com Várias Plantas por Parcela, Espécies Alógamas, Um Local, Medidas Repetidas (Modelo 100).....	257
13 AVALIAÇÃO DE CLONES APARENTADOS EM VÁRIAS REPETIÇÕES - UMA OBSERVAÇÃO POR PARCELA	261
13.1 Avaliação em um só Local e em uma só Safra	261
13.1.1 Blocos Completos (Modelo 30)	261
13.1.2 Blocos Incompletos (Modelo 48)	263
13.1.3 Blocos Incompletos, Análise com Covariável (Modelo 143)	265
13.2 Avaliação em Vários Locais (ou Anos em Culturas Anuais) e em uma só Colheita	266
13.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelo 31)	266
13.2.2 Blocos Incompletos em Vários Locais (Modelo 32)	268
13.2.3 Blocos Incompletos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 144).....	270
13.3 Avaliação em um só Local e em Várias Colheitas ou Safras (Culturas Perenes).....	272
13.3.1 Blocos Incompletos em Várias Colheitas (Modelo 92)	272
14 AVALIAÇÃO DE CLONES APARENTADOS EM VÁRIAS REPETIÇÕES - VÁRIAS OBSERVAÇÕES POR PARCELA.....	274
14.1 Avaliação em um só Local e em uma só Colheita ou Safra	274
14.1.1 Blocos Completos (Modelo 47)	275
14.1.2 Blocos Incompletos (Modelo 49)	276
14.1.3 Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 141)	278
14.2 Avaliação em Vários Locais e em uma só Colheita ou Safra.....	279
14.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelo 50)	279
14.2.2 Blocos Completos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 142)	281
15 AVALIAÇÃO DE INDÍDUOS EM PROGÊNIES DE IRMÃOS GERMANOS OBTIDAS SOB CRUZAMENTOS FATORIAIS OU DIALÉLICOS INTRAPOPULACIONAIS – UMA PLANTA POR PARCELA	283
15.1 Avaliação em um Local e em uma Safra	283
15.1.1 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 36)	283
15.1.2 Blocos Incompletos e Uma Planta por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 35)	285
15.1.3 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Genitores Aparentados (Modelo 43)	287

15.1.4 Blocos Incompletos e Uma Planta por Parcela, Genitores Aparentados (Modelo 42) ..	287
15.2 Avaliação em Vários Locais e em uma Colheita ou Safra	287
15.2.1 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores não Aparentados (Modelo 34).....	288
15.2.2 Blocos Incompletos e Uma Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores não Aparentados (Modelo 39).....	289
15.2.3 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores Aparentados (Modelo 41).....	291
15.2.4 Blocos Incompletos e Uma Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores Aparentados (Modelo 46).....	291
16 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNIES DE IRMÃOS GERMANOS OBTIDAS SOB CRUZAMENTOS FATORIAIS OU DIALÉLICOS INTRAPOPULACIONAIS – VÁRIAS PLANTAS POR PARCELA	291
16.1 Avaliação em um Local e em uma Safra	291
16.1.1 Blocos Completos, Várias Plantas por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 33)	292
16.1.2 Blocos Incompletos, Várias Plantas por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 38) .	293
16.1.3 Blocos Completos e Várias Plantas por Parcela, Genitores Aparentados (Modelo 40) .	295
16.1.4 Blocos Incompletos e Várias Plantas por Parcela, Genitores Aparentados (Modelo 45)	295
16.2 Avaliação em Vários Locais e em uma Safra	295
16.2.1 Blocos Completos, Várias Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores não Aparentados (Modelo 37).....	295
16.2.2 Blocos Completos, Várias Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores Aparentados (Modelo 44).....	297
17 OTIMIZAÇÃO DA SELEÇÃO EM FUNÇÃO DA ENDOGAMIA E DO NE (MODELO 106).....	298
18 MELHORAMENTO ANIMAL	298
18.1 Modelo Animal Reduzido para Reprodutores e seus Descendentes (Modelo 84)	298
18.2 Modelo Animal Reduzido de Repetibilidade para Reprodutores e seus Descendentes (Modelo 85).....	300
18.3 Modelo Animal Reduzido para Reprodutores e seus Descendentes, com Efeito de Ambiente Comum ou de Família de Irmãos Germanos (Cruzamentos Hierárquicos - Modelo 87)	301

19 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS E GENITORES VIA TESTES DE PROGÊNIES DE IRMÃOS GERMANOS OBTIDAS SOB CRUZAMENTOS HIERÁRQUICOS INTRAPOPULACIONAIS – UMA PLANTA POR PARCELA.....	303
19.1 Blocos Completos, Uma Planta por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 86)	303
20 MODELOS ESTATÍSTICOS GENÉRICOS	304
20.1 Modelo com 2 Fatores de Efeitos Fixos e 1 fator de Efeitos Aleatórios (Modelo 120)	305
20.2 Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 1 Fator de Efeitos Aleatórios além dos Resíduos (Modelo 121)	306
20.3 Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 2 Fatores de Efeitos Aleatórios além dos Resíduos (Modelo 122)	307
20.4 Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 3 Fatores de Efeitos Aleatórios além dos Resíduos (Modelo 123)	308
20.5 Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 4 Fatores de Efeitos Aleatórios além dos Resíduos (Modelo 124)	310
20.6 Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 5 Fatores de Efeitos Aleatórios além dos Resíduos (Modelo 125)	311
21 MODELOS ESTATÍSTICOS COM TRATAMENTOS DE EFEITOS FIXOS: DBC, DIC, PARCELAS SUBDIVIDIDAS, FATORIAL, HIERÁRQUICO	313
21.1 Delineamento de Blocos ao Acaso com Várias Observações por Parcela: Modelo 97	314
21.2 Delineamento de Blocos ao Acaso com uma Observação por Parcela: Modelo 99	316
21.3 Delineamento Inteiramente ao Acaso com Várias Observações por Parcela: Modelo 156 ..	317
21.4 Delineamento de Inteiramente ao Acaso com Uma Observação por Parcela: Modelo 157 .	317
21.5 Delineamento de Blocos ao Acaso, Arranjo em Parcela Subdividida com uma Observação por Parcela, Resultado Geral para os Níveis do Fator Aleatório Através dos Níveis do Fator de Efeitos Fixos: Modelo 12	318
21.6 Delineamento de Blocos ao Acaso, Arranjo em Parcela Subdividida com uma Observação por Parcela, Resultado para os Níveis do Fator Aleatório Dentro dos Níveis do Fator de Efeitos Fixos: Modelo 53	320
21.7 Delineamento de Blocos ao Acaso, Arranjo Fatorial com 2 Fatores, com uma Observação por Parcela, Resultado Geral para os Níveis do Fator Aleatório Através dos Níveis do Fator de Efeitos Fixos: Modelo 11	321
21.8 Delineamento de Blocos ao Acaso, Arranjo Fatorial com 2 Fatores, com uma Observação por Parcela, Resultado para os Níveis do Fator Aleatório Dentro dos Níveis do Fator de Efeitos Fixos: Modelo 52	324

21.9 Delineamento de Blocos ao Acaso, Arranjo Fatorial com 2 Fatores, com Várias Observações por Parcela, Resultado Geral para os Níveis do Fator Aleatório Através dos Níveis do Fator de Efeitos Fixos: Modelo 12	324
21.10 Delineamento de Blocos ao Acaso, Arranjo Fatorial com 2 Fatores, com Várias Observações por Parcela, Resultado para os Níveis do Fator Aleatório Dentro dos Níveis do Fator de Efeitos Fixos: Modelo 53	324
21.11 Delineamento de Blocos ao Acaso, Arranjo em Parcelas Subdivididas, Teste de Procedências e Progênies, um Local: Modelo 6	324
21.12 Delineamento de Blocos ao Acaso, Arranjo em Parcelas Subdivididas, Teste de Procedências e Progênies, Vários Locais: Modelo 13	326
22 GENÉTICA DE POPULAÇÕES	328
22.1 Várias Populações: Modelo 117	328
22.2 Uma População: Modelo 118	331
23 AUTOCORRELAÇÃO ESPACIAL E ANÁLISE DE RESÍDUOS	333
24 SELEÇÃO PELA DISTRIBUIÇÃO DO MÁXIMO E COM BASE NO CONCEITO DE MÉDIA HARMÔNICA	333
25 ANÁLISE ESPACIAL	333
26 ANÁLISE DE COMPETIÇÃO E ESPACIAL	334
27 ESTUDO DA ESTRUTURA DE CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES, ÍNDICE DE SELEÇÃO E ANÁLISE MULTIVARIADA	334
27.1 Estatística Geral (Modelo 105)	334
27.2 Correlação entre Caracteres (Modelos 102 e 105)	334
27.3 Índice de Seleção Envolvendo os Vários Caracteres (Modelo 101)	334
27.4 Agrupamento de Genótipos com Base em Divergência Genotípica Multivariada e Eliminação de Variáveis Redundantes via Componentes Principais (Modelos 103 e 104)	335
28 BLUP COM PARÂMETROS FORNECIDOS PELO USUÁRIO	335
29 BLUP SOB HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIA RESIDUAL ENTRE TRATAMENTOS....	336
30 ANÁLISES COMBINANDO DIFERENTES DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS	336
31 ANÁLISES COMBINANDO DIFERENTES TAMANHOS DE PARCELA	336
32 ANÁLISES COMBINANDO DIFERENTES TIPOS DE PROGÊNIES	336
33 ANÁLISE SIMULTÂNEA DE TRATAMENTOS REGULARES E TESTEMUNHAS	337
34 ANÁLISE DE EXPERIMENTOS NO DELINEAMENTO DE NELDER	337

35 ANÁLISE DE EXPERIMENTOS COM PARENTESCO EXATO ENTRE INDIVÍDUOS DE UMA PROGÊNIE	337
36 ANÁLISE DE REDE EXPERIMENTAL ENVOLVENDO VÁRIAS GERAÇÕES, VÁRIOS TIPOS DE PROGÊNIE (POLICRUZAMENTO E POLINIZAÇÃO CONTROLADA), VÁRIOS SÍTIOS, VÁRIAS IDADES DE AVALIAÇÃO E VÁRIOS ANOS DE PLANTIO	338
36.1 SIBEA-GADAEDET-DAIC, Genitores não Aparentados (Modelo 160)	338
36.2 SIBEA-GADAEDET-DAIC, Genitores Aparentados (Modelo 161)	344
37 ANÁLISE DE TESTES DE PROGÊNIES CLONADOS E ESTIMAÇÃO DE VARIÂNCIA EPISTÁTICA	344
37.1 Blocos Incompletos, Uma Planta por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 162)	344
38 PROCEDIMENTO BLUP-VEG (Modelo 163)	347
39 SOFTWARE SELEGEN GENÔMICA - REML/BLUP/GWS	348
40 AVALIAÇÃO CLONAL E SEMINAL SIMULTÂNEA DE GENITORES	349
40.1 Modelo Resistência a Doenças (Modelo 164)	349
REFERÊNCIAS	352

1 HISTÓRICO DO SELEGEN-REML/BLUP

O software Selegen-Reml/Blup (Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos) surgiu em associação com o aperfeiçoamento das metodologias de seleção genética a partir da análise matemática e estatística de dados obtidos em experimentos de campo. Na década de 1990 ocorreu um grande salto qualitativo nas metodologias analíticas de seleção genética aplicadas ao melhoramento genético de plantas. No melhoramento de plantas, o procedimento REML/BLUP é atualmente o procedimento ótimo de seleção.

No contexto da seleção recorrente no melhoramento de plantas no Brasil, os métodos de seleção evoluíram seguindo aproximadamente a seguinte cronologia:

Seleção de famílias

- Entre médias de família (Vencovsky, 1987)
- BLP de famílias (Resende et al., 1993; Bueno Filho, 1997)
- REML/BLUP de famílias (Resende et al., 1996; Duarte, 2000)

Seleção de indivíduos

- Entre famílias e dentro de parcela (Kageyama e Vencovsky, 1983)
- Entre famílias corrigida e dentro de família no experimento (Resende, 1991)
- Individual pela seleção combinada (Resende, 1991; Bueno Filho, 1992; Morais, 1994)
- Individual pelo índice multi-efeitos (IME) ou BLUP individual (Resende e Higa, 1994)
- Individual pela seleção combinada modificada (Pires et al., 1996)
- REML/BLUP individual (Resende, 1997, 1999, 2000, 2002a, Resende e Fernandes, 1999; Resende e Dias, 2000)

No início da década de 1990, as indústrias de celulose de eucalipto no Brasil começaram a demandar métodos acurados de seleção individual a partir da avaliação de dezenas de milhares de indivíduos mensurados a campo em vários experimentos e locais. Estes indivíduos deveriam ser selecionados com base em valores genéticos e não fenotípicos. A seleção entre famílias e dentro de parcelas, muito comum à época, mostrava-se inadequada para tal propósito. Havia a necessidade do desenvolvimento de métodos mais adequados. O método BLP, difundido naquela época (White e Hodge, 1989), prestava-se apenas para a seleção entre famílias.

Em 1991 foi desenvolvido o método do índice multiefeitos (IME) para a seleção ótima em nível de indivíduos, o qual foi implementado no software Selegen, também desenvolvido na mesma época (Resende et al., 1990; Resende, 1991; Resende e Higa, 1994; Resende et al., 1994). O software Selegen evoluiu gradativamente passando a incorporar o procedimento REML/BLUP (Resende et al., 1993; Resende et al., 1994; Resende e Oliveira, 1997, Resende, 2002b). O ano de 1993 marca o início do Selegen e do uso da metodologia de modelos lineares mistos (via melhor predição linear) no melhoramento de plantas no Brasil.

Em 1997/1998 um marco importante foi a demonstração de que o IME equivalia ao procedimento generalizado do BLUP em nível individual. Até então não havia sido demonstrado formalmente na literatura internacional como um BLUP individual ótimo poderia ser derivado, levando em conta simultaneamente as informações dos delineamentos experimentais e a teoria genética dos índices de seleção combinando informações dos Indivíduos e de seus parentes. O trabalho de Resende e Fernandes (1999) permitiu então:

- demonstração de que o IME é BLUP para o caso balanceado.
- demonstração de que a seleção combinada e combinada modificada não são BLUP nem para o caso balanceado.
- construção do BLUP individual passo a passo usando simultaneamente a teoria estatística, a genética e a experimental, garantido a derivação de preditores ótimos.
- derivação de vários modelos BLUP em nível individual para inúmeras situações experimentais e estruturas genéticas.

A teoria genérica do BLUP como procedimento ótimo foi difundida completamente a partir da década de 1970 pelos cientistas Charles Henderson nos EUA e Robin Thompson na Inglaterra, dentre outros (Henderson, 1973, 1975, 1976; Thompson 1976, 1977, 1979).

Para a aplicação do BLUP são necessárias estimativas fidedignas de componentes de variância. O método ótimo de estimação de componentes de variância, com dados desbalanceados ou não, é o REML desenvolvido por Patterson e Thompson (1971) e Thompson (1973, 1977, 1980).

O procedimento REML/BLUP passou a ser usado rotineiramente no melhoramento animal no exterior a partir da década de 1980. No Brasil, em gado de leite, passou a ser usado a partir de 1994 (Verneque e Valente, 2001). Isto se deveu ao desenvolvimento de softwares específicos que permitem tratar adequadamente a matriz de parentesco genético aditivo entres os Indivíduos em avaliação. Algoritmos para escrever diretamente essa matriz de parentesco genético aditivo foram apresentados por Henderson (1976) nos EUA e Thompson (1977) na Inglaterra.

Os primeiros softwares desenvolvidos foram o REML na Inglaterra (Robinson e Thompson, 1982), o DFREML na Inglaterra e Austrália (Meyer, 1988) e o MTDFREML nos EUA (Boldman et al., 1993), ambos empregando o algoritmo livre de derivadas (DF). Misztal e Perez-Enciso (1993) relatam o uso do algoritmo EM, posteriormente usado no desenvolvimento dos programas BLUPF90 e REMLF90. Posteriormente (Gilmour et al., 1998) foi desenvolvido o software ASREML, que emprega o algoritmo AI desenvolvido por Johnson e Thompson (1995) e Gilmour et al. (1995).

A disponibilidade desses softwares conduziu ao início da aplicação do procedimento REML/BLUP individual ao melhoramento florestal em nível individual a partir de 1995 (Borralho et al., 1995). No entanto, nenhuma derivação explícita do procedimento BLUP considerando as características dos delineamentos experimentais foi apresentada. Em outras palavras, modelos eram ajustados sem se saber exatamente como as várias informações eram usadas e se o modelo ajustado era ótimo.

Os softwares mencionados, desenvolvidos para o melhoramento animal, podem ser usados adequadamente para o melhoramento vegetal em algumas situações, principalmente quando apenas os efeitos aditivos são de interesse. Com clonagem e com a diversidade dos sistemas reprodutivos em plantas, limitações existem. O software Selegen-Reml/Blup foi desenvolvido para atender a rotina dos programas de melhoramento genético vegetal e contempla as seguintes categorias de plantas: alógamas, autógamas, de sistema reprodutivo misto e de propagação clonal. Considera vários delineamentos experimentais, vários delineamentos de cruzamento, interação genótipo x ambiente e experimentos repetidos em vários locais, medidas repetidas, progênies pertencentes a várias populações dentre outros fatores. O software não se restringe a ajustar os efeitos e apresentar os componentes de variância, mas apresenta também os valores genéticos aditivos, de dominância e genotípicos dos Indivíduos, o ganho genético com a seleção, o tamanho efetivo populacional dentre outros parâmetros interessantes ao melhoramento vegetal. Do ponto de vista estatístico é também interessante pois permite o teste da significância dos efeitos via teste da razão de verossimilhança (LRT) e análise de deviance.

Softwares como o SAS e o ASREML permitem o ajuste de um número infinito de modelos e, inclusive, modelos muito mais complexos. Os códigos para uso do ASREML para análise de alguns modelos mais comuns no melhoramento de plantas foram apresentados por Resende (2000; 2002). No entanto, o SAS apresenta limitação para lidar com matriz de parentesco e predizer valores genéticos em nível de Indivíduos. O software Selegen-REML/BLUP é de fácil uso e interpretação, permitindo lidar de forma eficiente com a maioria das situações corriqueiras no melhoramento vegetal. O Selegen-REML/BLUP é gratuito para uso em Universidades e Institutos Públicos de Pesquisa no Brasil e no exterior. Alguns softwares de excelência são pagos anualmente inclusive para uso em Universidades e Institutos Públicos de Pesquisa.

Até o momento, o Selegen-Reml/Blup tem sido aplicado ao melhoramento de plantas perenes e anuais nos países Brasil, África do Sul, Argentina, China, Chile, Colômbia, Costa Rica, Equador, Estados Unidos, Honduras, Índia, México, Nicarágua, Peru e Tunísia. Na iniciativa privada tem sido usado no melhoramento de eucalipto, pinus, acácia-negra, teca, milho, soja, seringueira, cana-de-açúcar. Em instituições públicas tem sido usado nessas mesmas espécies e também em feijão, arroz, caju, acerola, cupuaçu, cacau, café, guaraná, dendê, pupunha, palmeira real, laranja, brachiaria, panicum, estilosantes, leucena, erva-mate, pequi, batata, mandioca, açaí, manga, maracujá, camu-camu, buriti, baru, paricá, guapuruvu, umbu, coco, pinhão-manso, cedro australiano, amendoim, trigo, algodão, dentre outras.

Em termos de projetos de pesquisa e programas de melhoramento relevantes desenvolvidos no exterior com o uso do programa Selegen, destacam-se:

- a) Melhoramento de Teca, Gmelina, Acácia mangium e espécies nativas na Costa Rica.
- b) Melhoramento das Fruteiras Pupunha, Camu-camu e Buriti no projeto FRUTAMAZ desenvolvido na Amazônia Peruana pelo FAO/ICRAF.
- c) Melhoramento das Espécies Agroflorestais Capiroa (*Calycophyllum spruceanum*), Bolaina (*Guazuma crinita*) e Guaba (*Inga edulis*) na Amazônia Peruana pelo FAO/ICRAF.
- d) Domesticação e Melhoramento de Germoplasma pela Rede Panamericana de Germoplasma Agroflorestal em vários países da América Latina.

- e) Melhoria de Acácia Negra, Eucalipto e Pinus na África do Sul pelo Institute for Commercial Forestry Research (ICFR).
- f) Melhoria de Eucalipto, Pinus e Prosopis na Tunísia pelo Ministério da Agricultura.
- g) Melhoria de *Eucalyptus globulus* e *Pinus radiata* pela Mininco (empresa que cultiva mais de um milhão de hectares de florestas) no Chile.
- h) Melhoria de *Prosopis* (algaroba) na Argentina.

No Brasil, tem sido usado na prática do melhoramento florestal por mais de 20 empresas nas espécies eucalipto, pínus e acácia negra. Tem também sido usado no melhoramento da cana-de-açúcar pela RIDESA, que é uma rede inter-universitária que congrega nove Universidades Federais e que desenvolve cerca de 60 % dos cultivares comerciais plantados no país. Além das aplicações do Selegen no melhoramento de outras espécies domesticadas perenes e anuais (principalmente milho, soja, arroz, feijão e trigo) de importância econômica, uma aplicação importante refere-se ao projeto de genética e conservação de espécies frutíferas e florestais nativas desenvolvido pela CESP em convênio com a ESALQ/USP/IPEF e com a UNESP de Ilha Solteira. Nesse projeto, cerca de 2 mil progênies de 66 espécies do Cerrado e da Floresta Semi-Decídua estão sendo avaliadas geneticamente e conservadas. Isto representa um patrimônio e fonte de informações de valor inestimável.

2 ALGORITMO MATEMÁTICO E COMPUTACIONAL

A implementação computacional da metodologia de modelos mistos baseia-se fortemente em métodos numéricos, notadamente, em álgebra linear numérica, visando à obtenção iterativa das soluções das equações de modelo misto (obtenção do BLUP) e, cálculo numérico para a maximização/minimização de funções de várias variáveis, visando à obtenção das estimativas REML.

Vários algoritmos computacionais para a obtenção de componentes de variância por ML e REML têm sido desenvolvidos tais como o MS (Method of Scoring de Fisher, apresentado por Patterson & Thompson, 1971), o EM (*Expectation-Maximization*, de Dempster et al., 1977), o DF-REML (*Derivative-free Restricted Maximum Likelihood*, de Graser et al., 1987) e o AI-REML (*Average Information-REML* de Johnson e Thompson, 1995). Dentre estes, os mais usados são o EM, o DF-REML, e o AI-REML. O algoritmo EM é muito estável, numericamente, apresentando convergência mesmo que os valores iniciais não tenham sido totalmente adequados. Entretanto, uma inconveniência do algoritmo EM é a lentidão para as estimativas próximas ao limite do espaço paramétrico (por exemplo, quando uma variância tende a zero). Se valores iniciais positivos forem utilizados, a convergência para valores não negativos é garantida (Harville, 1977).

O algoritmo EM atua por meio da obtenção da esperança (por integração) e maximização (derivação) da função de verossimilhança dos dados, sucessivamente. Nos modelos de plantas individuais, em que, freqüentemente, a ordem das equações de modelo misto excedem o número de observações, a obtenção de estimativas por meio de primeira derivada pelo método EM requer a inversão da matriz dos coeficientes das equações de modelo misto, aumentando muito o esforço computacional. Segundo Lynch e Walsh (1997), os métodos de Newton-Raphson e de Fisher apresentam convergência quadrática, ao passo que o algoritmo EM apresenta convergência linear, sendo, portanto, mais lento.

Para contornar esta questão, Graser et al. (1987) propuseram um algoritmo para obtenção do ponto de máximo do logaritmo da função de verossimilhança por meio de sucessivas avaliações da função, partindo de valores atribuídos aos componentes de variância. Assim, o máximo relativo aos componentes de variância é encontrado por um processo de procura direta, sem requerer a inversão da matriz dos coeficientes. Por não envolver a derivação da função densidade de probabilidade, em relação aos componentes de variância, para o estabelecimento do sistema de equações a ser utilizado no processo iterativo, o algoritmo foi denominado DFREML. O algoritmo DF requer menos tempo de processamento por iteração do que o EM, porém exige maior número de iterações para atingir a convergência.

Recentemente, o algoritmo denominado AI-REML (Average Information-REML) foi desenvolvido e tem sido muito utilizado (Gilmour et al., 1995; Johnson e Thompson, 1995; Meyer, 1997; Thompson et al., 2003; Meyer, 2006). Segundo Johnson e Thompson (1995), o algoritmo DF apresenta pobres propriedades numéricas, e as soluções apresentam baixa acurácia nos dígitos significativos o que constitui um problema quando vários componentes de variância são estimados. Assim, o algoritmo AI é muito competitivo em relação aos algoritmos DF e EM e converge em menos de 10 iterações, embora o tempo por iteração seja 2 a 3 vezes maior que aquele requerido pelo algoritmo DF. Mesmo assim, o tempo total para convergência é muito menor. Segundo os últimos autores, para modelos complexos, o algoritmo AI é cinco vezes mais rápido que o DF e três vezes mais rápido que o algoritmo EM.

Os algoritmos para obtenção de estimativas REML podem ser agrupados de acordo com a ordem das derivadas usadas. Assim, têm-se: (i) não derivativo (DF-REML); (ii) baseado em derivadas parciais de primeira ordem (EM-REML); (iii) baseado em derivadas parciais de primeira e segunda ordens (AI-REML). O algoritmo AI é um procedimento derivativo melhorado, o qual fundamenta-se no uso do método de Newton-Raphson, que usa as derivadas primeira e segunda da função de verossimilhança. Tal algoritmo fundamenta-se na utilização da informação advinda da média das derivadas segundas observadas e esperadas da função de verossimilhança, de forma que o termo que contém os traços dos produtos da matriz inversa é cancelado, restando uma expressão mais simples para computação. Técnicas de matrizes esparsas são empregadas no cálculo dos elementos da inversa da matriz dos coeficientes, os quais são necessários para as derivadas primeiras da função de verossimilhança. Este algoritmo é também denominado Quasi-Newton (Gilmour et al., 1995), o qual aproxima a matriz hessiano (matriz de derivadas segundas) pela média das informações observadas e esperadas. A informação observada é uma medida da curvatura da função (ou do seu log) de verossimilhança e a informação esperada é a própria informação de Fisher.

Uma comparação empírica dos algoritmos REML foi realizada por Hofer (1998) e os resultados são apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Resultados da comparação empírica de algoritmos para a obtenção de estimativas REML em termos do número (I) de iterações (ou avaliações de funções, para o algoritmo DF) e tempo total (T) de computação até a convergência, em horas.

NMME	NVC	DF		EM		AI	
		I	T	I	T	I	T
4.895	3	26	0.01	24	0.05	-	-
9.780	9	238	0.31	33	0.26	-	-
14.685	18	583	1.77	45	1.02	-	-
6.192	9	699	1.27	-	-	-	-
10.230	12	1.236	2.33	-	-	-	-
14.274	18	4.751	11.10	-	-	-	-
5.731	5	169	0.34	109	1.14	6	0.07
8.765	6	927	70.60	23	4.97	7	1.86
5.073	2	39	0.02	-	-	5	0.02
10.146	6	472	0.52	-	-	9	0.09
233.796	55	37.021	2083	-	-	-	-

NMME = número de equações de modelo misto; NVC = número de componentes de variância

Os algoritmos DF ganharam popularidade devido às suas flexibilidades quanto aos modelos (Meyer, 1989; 1991) e por causa da disponibilidade de softwares. Entretanto, as dificuldades de convergência em modelos mais complexos geraram um novo interesse em algoritmos baseados em primeira e segunda derivadas da função de verossimilhança, como o AI. Pela Tabela 1, torna-se claro que os algoritmos DF são vantajosos computacionalmente somente quando o número de parâmetros a serem estimados é pequeno. Os algoritmos EM são mais eficientes que o DF quando o número de parâmetros é grande. Nesta mesma situação, o algoritmo AI supera o EM.

Segundo Thompson et al. (2005), muitas vezes o algoritmo AI converge em poucas iterações. No entanto, segundo Meyer (2006a), algumas vezes o algoritmo AI falha na convergência e, portanto, a alternativa seria o algoritmo EM, o qual garante um aumento no Log L em cada iteração. Tal autora relata que o uso do algoritmo PX-EM ou “parameter expanded EM” proposto por Foulley e van Dick (2000) é uma excelente opção. Tal autora comprova que a melhor opção é a combinação dos algoritmos PX-EM (nas primeiras iterações) e AI nas últimas iterações. Essa combinação explora a estabilidade e boa performance do PX-EM nas primeiras iterações e a rápida convergência do AI próxima ao máximo do Log L. Uma sugestão similar foi proposta por Thompson et al. (2005). O algoritmo AI tem convergência quadrática mas as estimativas não são restritas ao espaço paramétrico. Além disso, o aumento no Log L não é garantido. Por outro lado, o algoritmo EM tem convergência monótona, isto é, há um aumento do Log L em cada iteração e estimativas dentro do espaço paramétrico são produzidas. No entanto, a convergência é apenas linear pois apenas informação da primeira derivada da função de verossimilhança é usada. O algoritmo combinado PX-EM/AI foi usado na implementação do software Wombat o qual atualmente substitui o DFREML (Meyer, 2006b).

Os problemas computacionais associados à estimação REML referem-se à inversão de matrizes e obtenção de primeiras e segundas derivadas necessárias à avaliação da maximização de funções, fatores esses que demandam grandes recursos computacionais em termos de tempo de processamento e memória. A análise REML requer repetidas fatorações e inversões da matriz dos coeficientes das equações de modelo misto. Este fato tem levado os pesquisadores a utilizarem diferentes técnicas de análise numérica visando diminuir a necessidade de recursos computacionais associada ao uso do procedimento REML. O algoritmo usado no ASREML é o AS que combina o método AI para maximização da função com o método numérico de matrizes esparsas (sparse). Misztal e Perez-Enciso (1993) redescobriram o método de Takahashi et al. (1971) para matrizes esparsas e derivaram um eficiente algoritmo EM para REML/BLUP.

O software Selegen-Reml/Blup combina os métodos de Takahashi e o método da bifatoração esparsa de Zollenkopf (1971) no algoritmo EM com parâmetros estendidos (PX-EM). Portanto, o algoritmo é do tipo PX-EM-SB (Expanded Parameter Expectation-Maximisation / Sparse Bifactorisation) e o software é do tipo PX-EM-SBREML. Os métodos de Takahashi e de Zollenkopf foram desenvolvidos na área de Engenharia Elétrica, associados a matrizes de impedância em circuitos elétricos. Os dois métodos são similares e o algoritmo de Takahashi surge naturalmente pela multiplicação dos fatores à esquerda e à direita da bifatoração de Zollenkopf em ordem reversa. Os estimadores e preditores empregados no Selegen-Reml/Blup encontram-se descritos com detalhes na série de 10 trabalhos publicados pelo autor na Revista de Matemática e Estatística de 1999 a 2006 em São Paulo e também em Resende et al. (1996), Resende (1999; 2000; 2002a; 2004), Resende e Sturion (2001) e Resende e Thompson (2003).

A função de verossimilhança restrita a ser maximizada é dada a seguir. Um modelo linear misto generalizado tem a seguinte forma: $y = X\beta + Z\tau + \varepsilon$, com as seguintes distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$\begin{array}{ll} \tau \sim N(0, G) & E(y) = X\beta \\ \varepsilon \sim N(0, R) & Var(y) = V = ZGZ' + R \end{array}$$

em que:

y : vetor conhecido de observações.

β : vetor paramétrico de efeitos fixos, com matriz de incidência X .

τ : vetor paramétrico de efeitos aleatórios, com matriz de incidência Z .

ε : vetor desconhecido de erros.

G : matriz de variância-covariância dos efeitos aleatórios.

R : matriz de variância-covariância dos erros.

0 : vetor nulo.

Assumindo G e R como conhecidas, a simultânea estimação de efeitos fixos e a predição dos efeitos aleatórios podem ser obtidas por meio das equações de modelo misto (método BLUP) dadas por:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z+G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \tilde{\tau} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

Quando G e R não são conhecidas, os componentes de variância associados aos efeitos aleatórios podem ser estimados de forma eficiente pelo método REML (Patterson e Thompson, 1971). Exceto por uma constante, a função de verossimilhança residual (em termos de seus log) a ser maximizada é dada por:

$$\begin{aligned} L &= -\frac{1}{2} (\log|X'V^{-1}X| + \log|V| + \nu \log \sigma_\varepsilon^2 + y'Py / \sigma_\varepsilon^2) \\ &= -\frac{1}{2} (\log|C^*| + \log|R| + \log|G| + \nu \log \sigma_\varepsilon^2 + y'Py / \sigma_\varepsilon^2) \end{aligned}$$

em que:

$$V = R + ZGZ'; \quad P = V^{-1} - V^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}$$

$\nu = N - r(x)$: graus de liberdade para os efeitos aleatórios, em que N é o número total de dados e $r(x)$ é o rank da matriz X .

C^* = Matriz dos coeficientes das equações de modelo misto.

Sendo geral, o modelo descrito engloba vários modelos peculiares a cada situação.

3 PROCEDIMENTOS ESTATÍSTICOS, MATEMÁTICOS E GENÉTICOS

3.1 Descrição Geral dos Procedimentos

O nome *Selegen-Reml/Blup* designa *Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada* e é um software destinado à análise de *Modelos Lineares Mistos via REML/BLUP e REML/GLS*. Foi desenvolvido na linguagem Fortran 90 e possui interface com os sistemas operacionais Windows e DOS. A configuração computacional mínima exigida é 256 MB de memória RAM. No entanto, para modelos mais complexos e dezenas de milhares de dados (linhas no arquivo), memória RAM de 1 GB é recomendada. É adequado para análise de experimentos tanto balanceados quanto desbalanceados, conduzindo a eficiência máxima. Não há a necessidade de informar se é balanceado ou não, pois utiliza procedimento matemático e estatístico ótimo e genérico para qualquer situação. Os arquivos a serem analisados devem apresentar extensão .txt (texto MS-DOS) com uma linha de cabeçalho. Esta linha é apenas para orientação do usuário pois é ignorada pelo programa. Assim, tal linha pode conter quaisquer nomes.

O programa utiliza variáveis classificatórias e dependentes com até 15 dígitos. Porém, por questão de espaço, nas saídas do programa as variáveis classificatórias são apresentadas com até 7 casas apenas. Assim, recomenda-se usar até 7 casas decimais para essas variáveis. Tais variáveis classificatórias podem ser alfa-numéricas. A coluna imediatamente anterior à primeira variável ou covariável é apenas de identificação e a forma de seu preenchimento não afeta o modelo ajustado.

Em termos estatísticos, os seguintes métodos de análise são executados pelo Selegen:

- Estatística Geral: média, variância, desvio padrão, coeficiente de variação, máximo, mínimo, curtose, assimetria, covariância, correlação.
- Análise de Variância.
- Análise de Covariância e de Correlação.
- Análise Multivariada: Componentes Principais e Análise de Agrupamento.
- Modelos Lineares Mistos via REML/BLUP.
- Modelos Lineares Mistos via REML/GLS.
- Modelos Lineares Mistos para Medidas Repetidas.
- Modelos Lineares Mistos para Análise de Múltiplos Experimentos e Interação G x E.
- Modelos Lineares Mistos com Covariáveis.
- Maximização de Função de Verossimilhança Residual para Teste da Razão de Verossimilhança (LRT) e Análise de Deviance.
- Modelos Lineares Mistos com Heterogeneidade de Variância Residual dentro de Tratamentos.
- Predição Pontual e Intervalar de Efeitos Aleatórios (Valores Genéticos).
- Cômputo de Resíduos para Análise de Homogeneidade e Normalidade.
- Autocorrelação Espacial para Análise de Resíduos.
- Análise Hierárquica para Genética de Populações.
- Amostragem Genética (Tamanho Efetivo Populacional)
- Análise Espacial (em implementação).
- Análise de Competição e Espacial (em implementação).

O programa atual contempla cerca de 160 modelos de análise e, em termos de experimentação, genética e melhoramento, fornece os seguintes resultados de interesse:

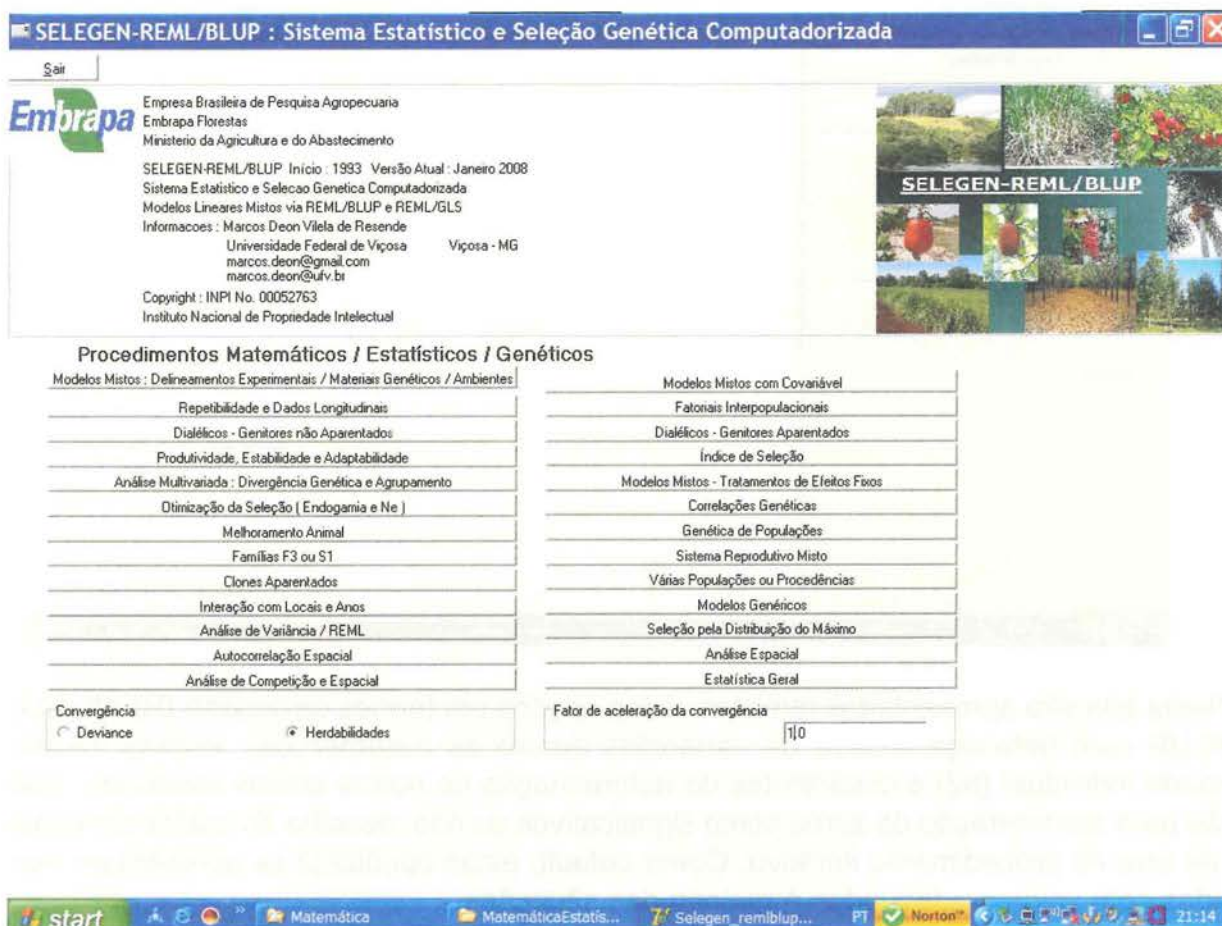
- BLUP e REML/BLUP para efeitos aditivos, de dominância e genotípicos.
- Herdabilidades, correlações genéticas e fenotípicas, ganho genético.
- BLUP sob heterogeneidade de variâncias dentro de tratamentos.

- Análise de deviância.
- Delineamentos experimentais: DIC, DBC, blocos aumentados, látice, linha e coluna.
- Grupos de experimentos, vários locais e interação genótipo x ambiente.
- Delineamentos de cruzamento: polinização aberta, controlada (meios irmãos, irmãos germanos, fatorial, dialélico, hierárquico, delineamentos desbalanceados, híbridos).
- Testes clonais.
- Uma ou várias populações.
- Uma ou várias plantas por parcela.
- Uma ou várias medidas repetidas.
- Componentes principais genéticos.
- Análise de agrupamento por valores genotípicos.
- Divergência genética via valores genotípicos.
- Índice de seleção multi-características.
- Tamanho efetivo populacional.
- Otimização da seleção e restrição na endogamia.
- Estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos.
- Genética de populações.
- Espécies alógamas, autógamas, sistema reprodutivo misto, animais
- Métodos de seleção associados: seleção de genitores (ag), seleção de genitores potenciais (a), seleção de clones potenciais ($g = a + d$), seleção de cruzamentos ($v_{gc} = 0.5 (af + am) + cec$), seleção de clones.
- Seleção recorrente recíproca e intrapopulacional.

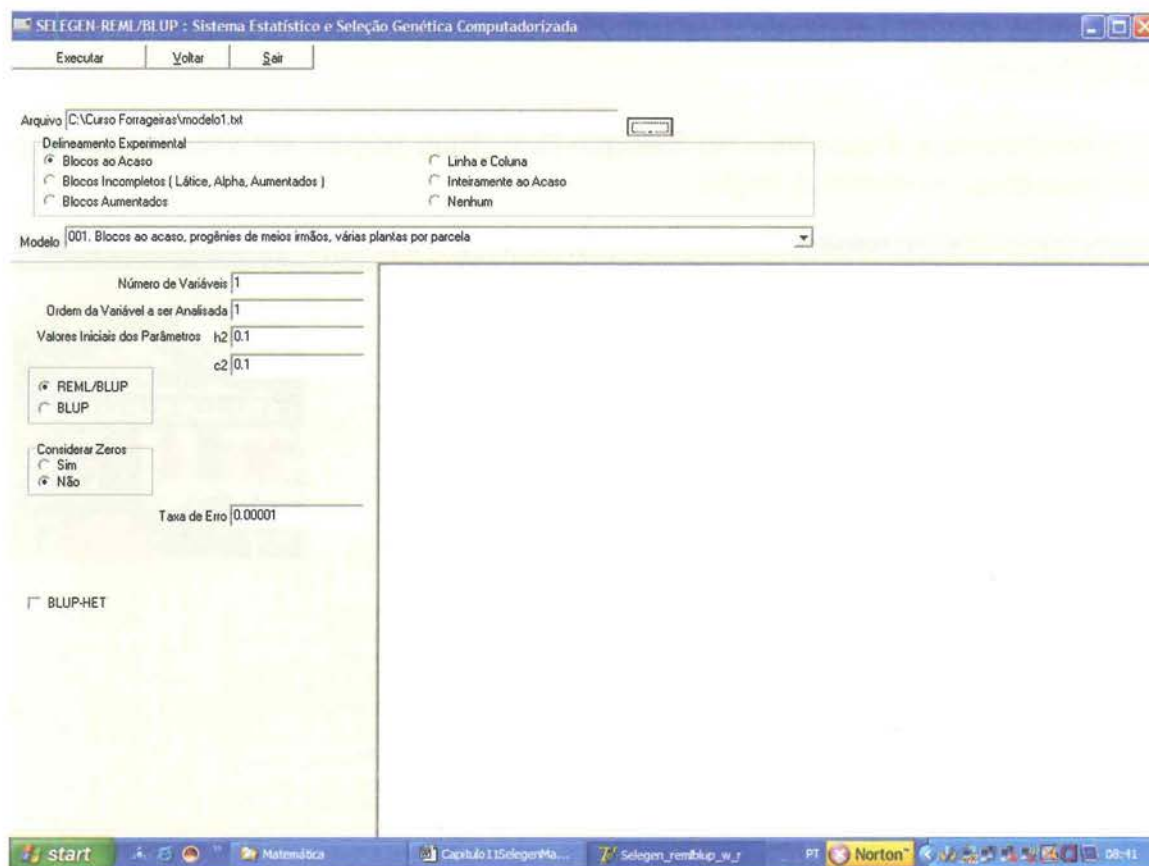
O Selegen-Reml/Blup foi delineado para maximizar a eficiência global do melhoramento e aborda de forma intrincada os tópicos mencionados acima, sobrepondo esquema de seleção recorrente, delineamento de cruzamento, delineamento experimental, controle estatístico via covariável, sistema de propagação do material melhorado. Utiliza procedimentos estatísticos de eficiência máxima: procedimentos ótimos de estimação de componentes de variância e de predição de valores genéticos. Os modelos para índice de seleção, componentes principais genéticos e análise de agrupamento genético trabalham no nível genotípico e não no nível fenotípico, conforme realizado tradicionalmente.

Meyer e Kirkpatrick (2005) enfatizam a relevância dos componentes principais no nível genético em detrimento do fenotípico.

Os procedimentos disponíveis no Selegen-Reml/Blup podem ser visualizados a partir da tela principal do programa, mostrada a seguir.

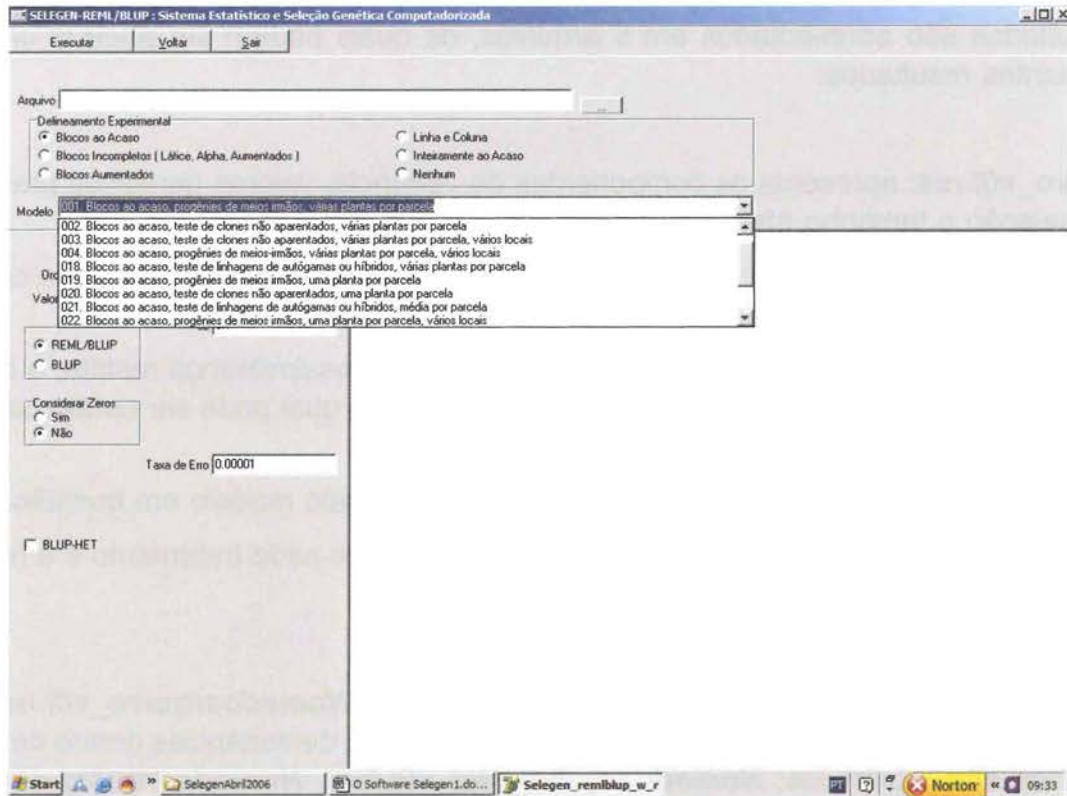


Nessa tela principal e também no cabeçalho dos resultados, a descrição SELEGEN REML/BLUP 1993 indica o ano (1993) em que o software foi criado ou iniciado. A seguir indica-se o ano da versão do software. Tal tela apresenta o menu principal com as várias opções de análise. Apresenta também os critérios opcionais de convergência pela deviance ou pelos parâmetros (herdabilidades e coeficientes de determinação). Recomenda-se o uso da convergência pelos parâmetros, conforme já definido em default. Apresenta também o fator de aceleração da convergência que deve ser definido por valores variando de zero a um. O default é 1, o qual é mais adequado quando as herdabilidades e coeficientes de determinação verdadeiros são de baixa magnitude. Pode-se verificar pelas iterações iniciais como a convergência está progredindo e então decidir se mantém o fator de aceleração em 1 ou se troca para 0. Escolhendo-se nessa tela a primeira janela “Modelos Mistos: Delineamentos Experimentais / Materiais Genéticos / Ambientes”, várias opções de modelos aparecem, em termos de delineamentos experimentais, conforme a tela seguinte.

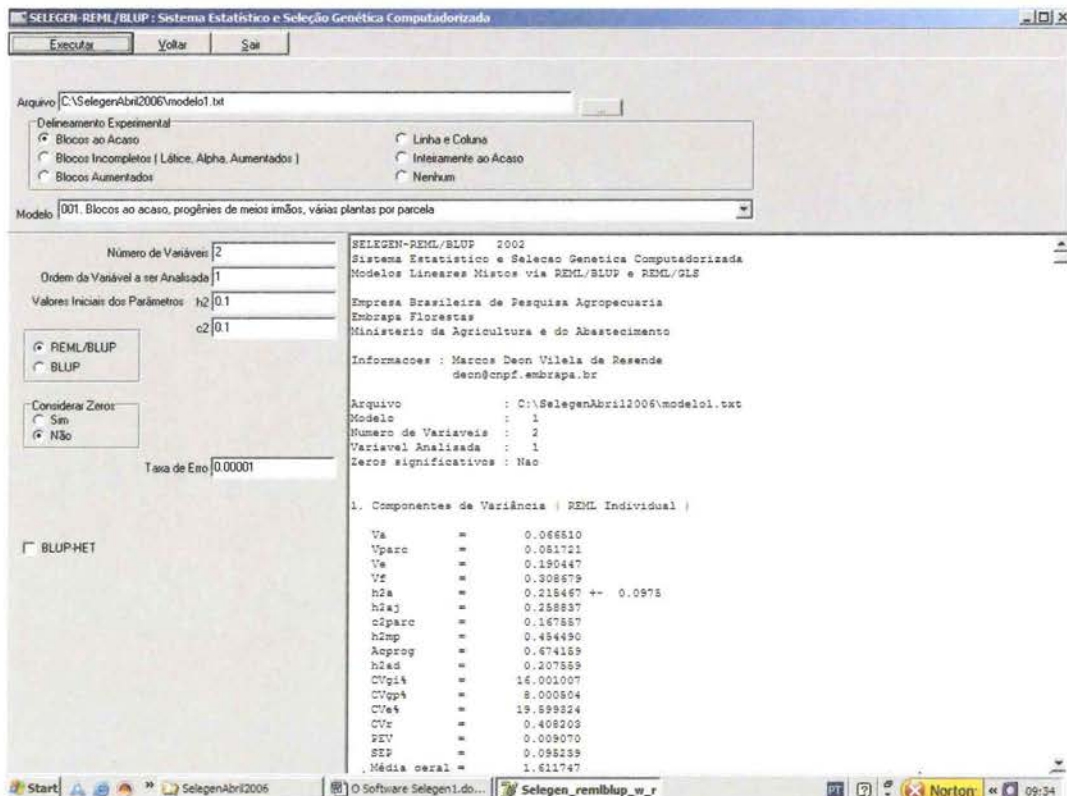


Nesta tela são apresentadas também várias opções em termos de análise (REML/BLUP ou só BLUP, BLUP com heterogeneidade de variâncias dentro de tratamentos), valores iniciais para a herdabilidade individual (h^2) e coeficientes de determinação de outros efeitos aleatórios (coeficientes c^2), opção para consideração de zeros como significativos ou não, escolha do critério de convergência ou taxa de erro no procedimento iterativo. Como default, estas opções já se apresentam marcadas e preenchidas com valores adequados à maioria das situações.

Na janela modelo desta tela, para cada delineamento experimental, são apresentados vários modelos alternativos em termos de número de plantas por parcela, tipo de progênie, número de locais avaliados, conforme a tela a seguir, referente ao delineamento em blocos ao acaso.



Escolhendo-se o arquivo a ser analisado e o modelo de análise, após pressionar executar, os resultados são apresentados conforme a tela a seguir.



Os resultados são apresentados em 5 arquivos, os quais podem ser abertos diretamente e contém os seguintes resultados:

Nomedoarquivo_v0i.res: apresenta os componentes de variância, valores genéticos preditos, ganho genético com seleção e tamanho efetivo populacional.

Nomedoarquivo_v0i.fam: apresenta os valores genéticos preditos, seus intervalos de confiança e a acurácia da avaliação de cada genótipo.

Nomedoarquivo_v0i.dev: apresenta o máximo da função de verossimilhança restrita, a deviance, os resíduos e o quadrado médio referente ao fator de efeitos fixos, o qual pode ser usado para realizar o teste F para o referido fator de efeitos fixos.

Nomedoarquivo_v0i.efc: apresenta todos os efeitos ajustados pelo modelo em questão.

Nomedoarquivo_v0i.het: apresenta a variância residual dentro de cada tratamento e a herdabilidade individual válida para cada tratamento.

Escolhendo-se também a análise BLUP-HET, o arquivo ***Nomedoarquivo_v0i.het*** apresenta adicionalmente os valores genéticos preditos sob heterogeneidade de variâncias dentro de tratamentos e mais 3 arquivos são mostrados: ***Nomedoarquivo_Het_v0i.fam***, ***Nomedoarquivo_Het_v0i.dev*** e ***Nomedoarquivo_Het_v0i.efc***, os quais são obtidos sob heterogeneidade de variâncias.

Outra forma de visualizar e encontrar os modelos adequados à análise refere-se ao uso do diagrama apresentado a seguir, sobre o qual são baseadas as descrições a seguir, feitas para cada modelo do software.

Alvo da Análise	Número de Observações por Parcela	Número de Locais e de Medidas Repetidas	Delineamentos Experimentais	Modelos	Item da Descrição
Seleção de Genótipos com Base em Várias Repetições	Uma Obs ou Planta/Parcela	Um Local sem Medida Repetida	Blocos ao Acaso	20, 21, 96	4.1.1
			Látice	16, 17	4.1.2
			Blocos ao Acaso com Covariável	119	4.1.3
			Blocos Aumentados	74, 76	4.1.4
			Inteiramente ao Acaso	83	4.1.5
			Linha e Coluna	58	4.1.6
			Ausência de Delineamento Experimental	58	4.1.7
	Vários Locais sem Medida Repetida	Um Local e Várias Medidas Repetidas	Grupos de Experimentos	16, 17	4.1.8
			Blocos ao Acaso	23, 25	4.2.1
			Látice	11, 26	4.2.2
			Blocos Aumentados, Estabilidade e Adaptabilidade	75, 77	4.2.3
			Blocos ao Acaso, Estabilidade e Adaptabilidade	54	4.2.4
			Látice, Estabilidade e Adaptabilidade	52	4.2.5
			Grupos de Experimentos	11, 26, 52	4.2.6
			Modelo Básico	63	4.3.1
Blocos ao Acaso	28, 29	4.3.2			
Látice	70	4.3.3			

segue

continuação

Alvo da Análise	Número de Observações por Parcela	Número de Locais e de Medidas Repetidas	Delineamentos Experimentais	Modelos	Item da Descrição
			Blocos Aumentados, Testemunha Aleatório	70	4.3.4
			Blocos Aumentados, Testemunha Fixo	68	4.3.5
			Blocos, Estab. e Adapt. Temporal	55	4.3.6
			Látice, Estab. e Adapt. Temporal	78	4.3.7
		Vários Locais e Várias Medidas Repetidas	Blocos ao Acaso	69	4.4.1
			Látice	71	4.4.2
			Blocos, Estab. e Adapt. Espacial	151	4.4.3
			Látice, Estab. e Adapt. Espacial	152	4.4.4
			Blocos Aumentados, Test. Aleatório, Estab. e Adapt. Espacial	152	4.4.5
			Blocos Aumentados, Test. Aleatório, Estab. e Adapt. Espacial	153	4.4.6
			Blocos Completos, Modelo CS, Estab. e Adapt.	155	4.4.7
			Vários Locais e Anos (Culturas Anuais)	Blocos, Estab. e Adapt. Espacial, Interação Tripla	114
			Blocos, Estab. e Adapt. Espacial, Interações Dupla	115	4.5.2
Seleção de Genótipos com Base em Várias Repetições	Várias Plantas por Parcela	Um Local sem Medida Repetida	Blocos ao Acaso	2, 18, 94	5.1.1
			Látice	7	5.1.2
			Blocos ao Acaso com Covariável	127	5.1.3

segue

continuação

Alvo da Análise	Número de Observações por Parcela	Número de Locais e de Medidas Repetidas	Delineamentos Experimentais	Modelos	Item da Descrição
			Inteiramente ao Acaso	81	5.1.4
			Linha e Coluna	57	5.1.5
		Vários Locais sem Medida Repetida	Blocos Completos	3	5.2.1
			Látice	12	5.2.2
			Blocos ao Acaso com Covariável	128	5.2.3
			Látice com Covariável	129	5.2.4
			Blocos ao Acaso, Estabilidade e Adaptabilidade	51	5.2.5
			Látice, Estabilidade e Adaptabilidade	53	5.2.6
		Um Local e Várias Medidas Repetidas	Blocos Completos	9, 27	5.3.1
			Látice	66	5.3.2
			Blocos, Estab. e Adapt. Temporal	79	5.3.3
			Blocos, Mod. Fatorial Completo	116	5.3.4
		Vários Locais e Várias Medidas Repetidas	Blocos Completos	64	5.4.1
			Látice	72	5.4.2
			Látice com Covariável	130	5.4.3
Seleção de Indivíduos e Genitores em Progênies de Meios Irmãos	Uma Obs ou Planta por Parcela	Um Local sem Medida Repetida	Blocos Completos	19 e 95	6.1.1
			Látice	15	6.1.2
			Blocos Completos com Covariável	135	6.1.3
			Látice com Covariável	137	6.1.4
			Inteiramente ao Acaso	82	6.1.5

segue

continuação

Alvo da Análise	Número de Observações por Parcela	Número de Locais e de Medidas Repetidas	Delineamentos Experimentais	Modelos	Item da Descrição
		Vários Locais sem Medida Repetida	Blocos Completos	22	6.2.1
			Látice	10	6.2.2
			Blocos Completos com Covariável	136	6.2.3
			Látice com Covariável	138	6.2.4
Seleção de Indivíduos e Genitores em Progenies de Meios Irmãos	Várias Plantas por Parcela	Um local sem Medida Repetida	Blocos Completos	1 e 93	7.1.1
			Látice	6	7.1.2
			Blocos Completos com Covariável	131	7.1.3
			Látice com Covariável	133	7.1.4
			Inteiramente ao Acaso	80	7.1.5
			Linha e Coluna	56	7.1.6
			Blocos com Parejas	158	7.1.7
			Blocos com Parejas e Desbaste	159	7.1.8
		Vários Locais sem Medida Repetida	Blocos Completos	4	7.2.1
			Látice	13	7.2.2
			Blocos Completos com Covariável	132	7.2.3
			Látice com Covariável	134	7.2.4
		Um Local e Várias Medidas Repetidas	Blocos, resultado por indivíduo	8	7.3.1
			Blocos, resultado por indivíduo e por safra (MHPRVG)	62	7.3.2
			Látice	67	7.3.3
		Vários Locais e Várias Medidas Repetidas	Blocos Completos	65	7.4.1
			Látice	73	7.4.2
		Várias Populações	Blocos Completos	5	7.5.1
			Blocos, Vários Locais	14	7.5.2

segue

continuação

Alvo da Análise	Número de Observações por Parcela	Número de Locais e de Medidas Repetidas	Delineamentos Experimentais	Modelos	Item da Descrição
			Blocos sem Estrutura Progenie	24	7.5.3
			Blocos, Medidas Repetidas	154	7.5.4
Seleção de Indivíduos e Linhagens em Progenies F3 de Autógamas ou S1 de Alógamas	Várias Plantas por Parcela	Um Local, Uma População	Blocos Completos	59	8.1
			Sem Delineamento	60	8.2
		Um Local, Várias Populações	Blocos Completos	61	8.3
Seleção de Indivíduos e Cruzamentos em Progenies de Irmãos Germanos de Plantas Alógamas	Várias Plantas por Parcela	Um Local, sem Medida Repetida	Blocos Completos	147	9.1
		Vários Locais, sem Medida Repetida	Blocos Completos	148	9.2
		Um Local, sem Medida Repetida	Blocos, com Covariável	145	9.3
		Vários Locais, sem Medida Repetida	Blocos, com Covariável	146	9.4
Seleção de Indivíduos e Genitores em Progenies S1 de Plantas com Sistema Reprodutivo Misto	Várias Plantas por Parcela	Um Local, Uma População	Blocos Completos	107	10.1
	Uma Planta por Parcela		Blocos Completos	108	10.2
	Várias Plantas por Parcela	Um Local, Várias Populações	Blocos Completos	109	10.3
Seleção de Indivíduos e Genitores em Progenies de Polinização Aberta em Plantas com Sistema Reprodutivo Misto	Várias Plantas por Parcela	Um Local, Uma População	Blocos Completos	110	11.1
	Uma Planta por Parcela		Blocos Completos	111	11.2
	Várias Plantas por Parcela	Um Local, Várias Populações	Blocos Completos	112	11.3
Seleção de Indivíduos, Genitores e Cruzamentos em Progenies Obtidas sob Cruzamentos Fatoriais ou Dialélicos Interpopulacionais	Uma Planta por Parcela	Um Local, sem Medidas Repetidas	Blocos Completos	87	12.1.1
	Várias Plantas por Parcela		Blocos Completos	88	12.1.2
	Uma Planta por Parcela		Látice	90	12.1.3
			Blocos, Cruzamentos entre Linhagens	98	12.1.4

segue

continuação

Alvo da Análise	Número de Observações por Parcela	Número de Locais e de Medidas Repetidas	Delineamentos Experimentais	Modelos	Item da Descrição	
			Blocos, Análise com Covariável	140	12.1.5	
	Várias Plantas por Parcela		Blocos, Análise com Covariável	139	12.1.6	
	Várias Plantas por Parcela	Vários Locais sem Medida Repetida	Blocos Completos	89	12.2.1	
	Uma Planta por Parcela		Látice	91	12.2.2	
	Várias Plantas por Parcela	Um Local e Várias Medidas Repetidas	Blocos Completos	100	12.3.1	
Seleção de Clones Aparentados com Base em Várias Repetições	Uma Planta por Parcela	Um Local, sem Medidas Repetidas	Blocos Completos	30	13.1.1	
			Látice	48	13.1.2	
			Látice, Análise com Covariável	143	13.1.3	
		Vários Locais sem Medida Repetida	Blocos Completos	31	13.2.1	
			Látice	32	13.2.2	
			Látice, Análise com Covariável	144	13.2.3	
		Várias Plantas por Parcela	Um Local, Várias Medidas Repetidas	Blocos Incompletos	92	13.3.1
		Várias Plantas por Parcela	Um Local, sem Medidas Repetidas	Blocos Completos	47	14.1.1
				Látice	49	14.1.2
	Blocos, Análise com Covariável			141	14.1.3	
	Vários Locais sem Medida Repetida			Blocos Completos	50	14.2.1
				Blocos, Análise com Covariável	142	14.2.2
Seleção de Indivíduos, Genitores e Cruzamentos em Progênie Obtidas sob Cruzamentos Fatoriais ou Dialélicos Intrapopulacionais	Uma Planta por Parcela	Um Local, sem Medidas Repetidas	Blocos, Genitores não Aparentados	36	15.1.1	
			Látice, Genitores não Aparentados	35	15.1.2	
			Blocos, Genitores Aparentados	43	15.1.3	
			Látice, Genitores Aparentados	42	15.1.4	

segue

continuação

Alvo da Análise	Número de Observações por Parcela	Número de Locais e de Medidas Repetidas	Delineamentos Experimentais	Modelos	Item da Descrição
		Vários Locais, sem Medida Repetida	Blocos, Genitores não Aparentados	34	15.2.1
			Látice, Genitores não Aparentados	39	15.2.2
			Blocos, Genitores Aparentados	41	15.2.3
			Látice, Genitores Aparentados	46	15.2.4
	Várias Plantas por Parcela	Um Local, sem Medidas Repetidas	Blocos, Genitores não Aparentados	33	16.1.1
			Látice, Genitores não Aparentados	38	16.1.2
			Blocos, Genitores Aparentados	40	16.1.3
			Látice, Genitores Aparentados	45	16.1.4
		Vários Locais, sem Medida Repetida	Blocos, Genitores não Aparentados	37	16.2.1
			Blocos, Genitores Aparentados	44	16.2.2
Otimização da Seleção em Função do Ne e da Endogamia	Várias Plantas por Parcela	Um ou Vários Locais	Testes de Progênies em Blocos ou Látice	106	17
Melhoramento Animal	Modelo Animal Simples			84	18.1
	Modelo Animal de Repetibilidade			85	18.2
	Modelo Animal Com Efeito de Famílias de Irmãos Germanos (Cruzamentos Hierárquicos) ou Efeito de Ambiente Comum			86	18.3
Seleção de Indivíduos e Genitores em Progênies Obtidas sob Cruzamentos Hierárquicos Intrapopulacionais	Uma Planta por Parcela	Um Local, sem Medidas Repetidas	Blocos, Genitores não Aparentados	86	19.1
Modelos Estatísticos Genéricos	Dois Efeitos Fixos e Um Aleatório			120	20.1
	Um Efeito Fixo e Um Efeito Aleatório			121	20.2
	Um Efeito Fixo e Dois Efeitos Aleatórios			122	20.3
	Um Efeito Fixo e Três Efeitos Aleatórios			123	20.4

segue

continuação

Alvo da Análise	Número de Observações por Parcela	Número de Locais e de Medidas Repetidas	Delineamentos Experimentais	Modelos	Item da Descrição
			Um Efeito Fixo e Quatro Efeitos Aleatórios	124	20.5
			Um Efeito Fixo e Cinco Efeitos Aleatórios	125	20.6
Modelos Estatísticos com Tratamentos de Efeitos Fixos: DBC, DIC, Parcela Subdividida, Fatorial, Hierárquico	Várias Observações por Parcela	Um Local	Blocos	97	21.1
	Uma Observação por Parcela	Um Local	Blocos	99	21.2
	Várias Observações por Parcela	Um Local	Inteiramente ao acaso	156	21.3
	Uma Observação por Parcela	Um Local	Inteiramente ao acaso	157	21.4
	Uma Observação por Parcela	Parcela Subdividida	Blocos, com Resultado Geral para os Níveis do Fator Aleatório	12	21.5
	Uma Observação por Parcela	Parcela Subdividida	Blocos, com Resultado para os Níveis do Fator Aleatório Dentro dos Níveis do Fator Fixo	53	21.6
	Uma Observação por Parcela	Fatorial com 2 Fatores	Blocos, com Resultado Geral para os Níveis do Fator Aleatório	11	21.7
	Uma Observação por Parcela	Fatorial com 2 Fatores	Blocos, com Resultado para os Níveis do Fator Aleatório Dentro dos Níveis do Fator Fixo	52	21.8
	Várias Observações por Parcela	Fatorial com 2 Fatores	Blocos, com Resultado Geral para os Níveis do Fator Aleatório	12	21.9
	Várias Observações por Parcela	Fatorial com 2 Fatores	Blocos, com Resultado para os Níveis do Fator Aleatório Dentro dos Níveis do Fator Fixo	53	21.10

segue

continuação

Alvo da Análise	Número de Observações por Parcela	Número de Locais e de Medidas Repetidas	Delineamentos Experimentais	Modelos	Item da Descrição
	Várias Observações por Parcela	Parcela Subdividida, Teste de Proc/Prog, um Local	Blocos	6	21.11
	Várias Observações por Parcela	Parcela Subdividida, Teste de Proc/Prog, Vários Locais	Blocos	13	21.12
Genética de Populações	Várias Populações: Componentes de Variância, Estatísticas F de Wright, Taxa de Cruzamento e de Autofecundação, Tamanhos Efetivos de Famílias e Total, Frequência Alélica			117	22.1
	Uma População: Componentes de Variância, Estatísticas F de Wright, Taxa de Cruzamento e de Autofecundação, Tamanhos Efetivos de Famílias e Total, Frequência Alélica			118	22.2
Autocorrelação Espacial e Análise de Resíduos				113	23
Seleção pela Distribuição do Máximo	Seleção de famílias com base na média dos indivíduos com maiores valores genéticos e também com base na média harmônica dos valores de seus indivíduos			149	24
Análise Espacial	Modelo com efeitos aleatórios de genótipos e resíduos autoregressivos de primeira ordem em duas dimensões.			126	25
Análise de Competição e Espacial	Modelo com efeitos aleatórios de competição genotípica, de genótipos e resíduos autoregressivos de primeira ordem em duas dimensões.			150	26
Estatística Geral	Média, variância, covariância, correlação, desvio, CV, mínimo, máximo, assimetria e curtose			105	27.1
Correlações Genéticas	Matriz de Covariâncias e de Correlações			102	27.2
Índice de Seleção	Aditivo, Multiplicativo, Rank Médio			101	27.3
Divergência Genética: Componentes Principais Genéticos	Matriz de covariância e de correlação, valores genéticos padronizados, autovalores e autovetores, proporção da variabilidade explicada pelos autovalores, escores dos componentes principais, correlação entre as variáveis e os componentes principais.			103	27.4

segue

continuação

Alvo da Análise	Número de Observações por Parcela	Número de Locais e de Medidas Repetidas	Delineamentos Experimentais	Modelos	Item da Descrição
Análise de Agrupamento Genético	Cálculo de Distância Euclidiana Média e Quadrática, Distância de Mahalanobis e Agrupamento Tocher			104	27.4
BLUP somente	BLUP sem a necessidade de se estimar componentes de variância, usando estimativas fornecidas pelo usuário			Opcionalmente em todos os modelos	28
BLUP sob Heterogeneidade e de Variância Residual entre Tratamentos	BLUP computado considerando a heterogeneidade de variância residual entre os tratamentos			Opcionalmente em vários Modelos	29
Análise de Experimentos no Delineamento de Nelder	Experimentos simultâneos de avaliação genética e de espaçamentos			Modelos 19 e 20	34
Experimentos envolvendo várias Gerações, vários Tipos de Progênie (policruzamento e polinização controlada), vários Sítios, várias Idades de Avaliação e vários Anos de Plantio.	BLUP computado considerando a heterogeneidade de variância residual entre os tratamentos			Modelos 161 e 162	36.1 e 36.2
Análise de Testes de Progênies Clonados e Estimação de Variância Epistática	Testes clonados e testes de progênies e clonais simultaneamente			Modelo 162	37
Procedimento BLUP-VEG				Modelo 163	38
Selegen Genômica - Reml/Blup/Gws					39
Avaliação Clonal e Seminal Si de Genitores					40

Uma classificação aproximada dos grupos de plantas quanto aos **Modelos de Avaliação Genética** em função da **Estrutura Experimental de Campo** é apresentada a seguir:

- a) **Culturas Anuais e Olerícolas (Arroz, Milho, Soja, Feijão, Trigo, Aveia, Cevada, Sorgo, Algodão, Batata, Mandioca):** dados analisados com uma observação por parcela e inferência ao nível do efeito de tratamentos genéticos (linhagens, híbridos, clones, famílias, cultivares, acessos), modelos descritos nos itens de 4.1.1 a 4.5.2, exceto aqueles com medidas repetidas.
- b) **FORAGEIRAS e Cana-de-Açúcar:** dados analisados com uma observação por parcela e medidas repetidas, inferência ao nível do efeito de tratamentos genéticos (linhagens, híbridos, clones, famílias, cultivares, acessos), modelos descritos nos itens de 4.1.1 a 4.5.2, incluindo aqueles com medidas repetidas.
- c) **Espécies Florestais:** dados tomados ao nível de plantas individuais sem medidas repetidas, inferência ao nível de indivíduos, genitores e clones, todos os modelos descritos, exceto aqueles com medidas repetidas.
- d) **FRUTEIRAS, Palmáceas (Açaí, Coco, Dendê, Pupunha, Tâmara), Estimulantes (Café, Cacau, Guaraná, Erva-mate), Seringueira:** dados tomados ao nível de plantas individuais com medidas repetidas, inferência ao nível de indivíduos, genitores e clones, todos os modelos descritos, inclusive aqueles com medidas repetidas.

A complexidade dos modelos, a dificuldade na avaliação genética e o grau de desbalanceamento aumentam de (a) para (d), ou seja, a complexidade aumenta na seguinte seqüência: Culturas Anuais e Olerícolas; Forrageiras e Cana-de-Açúcar; Espécies Florestais; Frutíferas, Seringueira e Erva-mate.

3.2 Procedimento Ótimo de Avaliação Genotípica e Significância dos Efeitos do Modelo

A avaliação genotípica compreende a estimação de componentes de variância (parâmetros genéticos) e a predição dos valores genotípicos. As estimativas dos parâmetros genéticos tais quais a herdabilidade e correlações genéticas são fundamentais para o delineamento de eficientes estratégias de melhoramento. A experimentação de campo, via de regra, está associada a desbalanceamento de dados devido a vários motivos tais quais perdas de plantas e parcelas, desiguais quantidades de sementes e mudas disponíveis por tratamento, rede experimental com diferentes números de repetições por experimento e diferentes delineamentos experimentais, não avaliação de todas as combinações genótipo-ambiente, dentre outros. Em função disso e do que foi exposto no tópico 2.1, o procedimento ótimo de avaliação genotípica refere-se ao REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não viciada), também denominado genericamente de metodologia de modelos mistos. Estes procedimentos lidam naturalmente com o desbalanceamento conduzindo a estimações e predições mais precisas de parâmetros genéticos e valores genéticos, respectivamente.

O procedimento ótimo de seleção é o BLUP para os efeitos genéticos aditivos (a), de dominância (d) e genotípicos (g), dependendo da situação. O BLUP é o procedimento que maximiza a acurácia seletiva e, portanto, é superior a qualquer outro índice de seleção combinada, exceto aquele que usa todos os efeitos aleatórios do modelo estatístico (índice multiefeitos, conforme Resende e Higa, 1994), o qual é o próprio BLUP para o caso de dados balanceados (Resende e Fernandes, 1999). O BLUP permite também o uso simultâneo de várias fontes de informação tais quais aquelas advindas de

vários experimentos instalados em um ou vários locais e avaliados em uma ou várias colheitas. O BLUP individual utiliza todos os efeitos do modelo estatístico, contempla o desbalanceamento, utiliza o parentesco genético entre os Indivíduos em avaliação e, considera a coincidência entre unidade de seleção e unidade de recombinação.

A análise de variância (ANOVA) e análise de regressão foram, durante muito tempo, o principal esteio da análise e modelagem estatística. Entretanto, estas técnicas têm limitação para lidar com dados desbalanceados e com parentesco entre tratamentos. O método REML permite lidar com essa situação permitindo maior flexibilidade e eficiência na modelagem. Tal procedimento foi criado pelos pesquisadores ingleses Desmond Patterson e Robin Thompson em 1971 e hoje constitui-se no procedimento padrão para a análise estatística em uma grande gama de aplicações. Em experimentos agrônomicos e florestais, o REML tem substituído com vantagens o método ANOVA criado pelo cientista inglês Ronald Fisher em 1925. Na verdade, o REML é uma generalização da ANOVA para situações mais complexas. Para situações simples, os dois procedimentos são equivalentes, mas para as situações mais complexas encontradas na prática, a ANOVA é um procedimento apenas aproximado. O REML é um método eficiente no estudo das várias fontes de variação associadas à avaliação de experimentos de campo, permitindo desdobrar a variação fenotípica em seus vários componentes genéticos, ambientais e de interação genótipo x ambiente.

As principais vantagens práticas do REML/BLUP são: permite comparar Indivíduos ou variedades através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); pode ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais. No caso de dados desbalanceados, a ANOVA conduz a imprecisas estimativas de componentes de variância e conseqüentemente a inacuradas predições de valores genéticos. Um software de fácil aplicação prática, destinado a aplicação corriqueira no melhoramento genético é o Selegen-REML/BLUP (Resende, 2002b).

Na análise de modelos mistos com dados desbalanceados os efeitos do modelo não são testados via testes F tal como se faz no método da análise de variância. Nesse caso, para os efeitos aleatórios, o teste cientificamente recomendado é o teste da razão de verossimilhança (LRT). Para os efeitos fixos, um teste F aproximado pode ser usado. Um quadro similar ao quadro da análise de variância pode ser elaborado. Tal quadro pode ser denominado de Análise de Deviance (ANADEV) e é estabelecido segundo os seguintes passos:

- a) obtenção do logaritmo do ponto de máximo da função de verossimilhança residual (L) para modelos com e sem o efeito a ser testado.
- b) obtenção da deviance $D = -2 \log L$ para modelos com e sem o efeito a ser testado.
- c) Fazer a diferença entre as deviances para modelos sem e com o efeito a ser testado, obtendo a razão de verossimilhança (LR).
- d) Testar, via LRT, a significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

Considere como exemplo, o seguinte experimento, conduzido no delineamento de blocos ao acaso com várias plantas por parcela. Tem-se então o seguinte modelo: $y = u + g + b + gb + e$, em que g refere-se ao efeito aleatório de genótipos, b refere-se ao efeito fixo de blocos, gb refere-se ao efeito aleatório de parcela e e refere-se ao resíduo aleatório dentro de parcela. A seguinte análise de deviance (ANADEV) pode ser realizada.

Efeito	Deviance	LRT(Qui-quadrado)	Comp.Var.	Coef. Determ.
Genótipos	647.1794 ⁺	6.5546**	0.032924*	$h^2g = 0.0456^*$
Parcela	654.1289 ⁺	13.5041**	0.068492**	$c^2_{\text{parc}} = 0.0948^{**}$
Resíduo	-	-	0.6206	$c^2_{\text{res}}=0.8595$
Modelo Completo	640.6248	-	-	$c^2_{\text{total}}=1.0000$
Bloco	-	$F = 7.0172^{**}$	-	-

Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente.

+ Deviance do modelo ajustado sem o referido efeito.

O software Selegen fornece (via arquivo com extensão .dev) as deviances quando se rodam os modelos com ou sem (basta zerar os coeficientes de determinação c^2 correspondentes, na tela do Selegen) os efeitos a serem testados. De posse dessas deviances torna-se fácil construir a tabela da análise de deviance. No presente exemplo, verifica-se que os efeitos de genótipos e de parcelas são significativos. Conseqüentemente os respectivos componentes de variância são significativamente diferentes de zero assim como os respectivos coeficientes de determinação (herdabilidade dos efeitos genotípicos – h^2g e coeficiente de determinação dos efeitos de parcela - c^2_{parc} , conforme obtidos pelos modelos 1 e 2 do Selegen). O fator bloco, considerado de efeito fixo, foi testado via F de Snedecor.

No Selegen é também apresentado o desvio padrão da herdabilidade individual. De posse da estimativa da herdabilidade e de seu desvio padrão pode-se também inferir sobre a significância dos efeitos genotípicos e, conseqüentemente, sobre a presença de variabilidade genotípica significativa. Essa é outra forma de avaliar a significância dos efeitos genéticos, além daquela já relatada por meio da análise de deviance via o teste da razão de verossimilhança (LRT).

4 AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS (ACESSOS, CULTIVARES, CLONES, HÍBRIDOS, LINHAGENS E FAMÍLIAS) EM VÁRIAS REPETIÇÕES - UMA OBSERVAÇÃO POR PARCELA

A avaliação de materiais genéticos em termos de comportamento médio em várias repetições é importante em várias etapas do melhoramento de plantas, desde a avaliação de acessos nas fases iniciais do melhoramento até a avaliação de cultivares na fase final do melhoramento, visando a recomendação para plantios comerciais.

Conforme já relatado em tópicos anteriores, o procedimento ótimo de avaliação genotípica é o REML/BLUP que permite, simultaneamente, estimar os parâmetros genéticos e predizer os valores genotípicos (ou valores fenotípicos futuros). Permite também a estimação e predição com dados desbalanceados e considera simultaneamente todas as informações experimentais disponíveis, sem a necessidade de se balancear artificialmente as informações via descarte de alguns dados e/ou tomada de médias oriundas de diferentes números de informações (fatos esses que tornam a avaliação genética imprecisa). Em função dessas considerações, o software Selegen-Reml/Blup emprega o procedimento Reml/Blup. Maiores detalhes teóricos sobre os modelos relatados a seguir podem ser encontrados nas publicações Resende et al. (1996), Resende (1999; 2000, 2002a; 2004) e Resende e Thompson (2003).

4.1 Avaliação em um só Local e em uma só Colheita

Os experimentos podem ser instalados nos delineamentos em blocos completos, incompletos (látice, alfa, blocos aumentados), inteiramente ao acaso (DIC) e linha-coluna. As avaliações geralmente são realizadas ao nível de totais ou de médias por parcelas, gerando uma só observação por parcela. Para materiais genéticos não aparentados ou mesmo aparentados porém ignorando-se o parentesco entre eles, os modelos do Selegen que podem ser usados nessa situação são:

- § Delineamento em Blocos Completos: Modelos 20 e 21.
- § Delineamento em Blocos Completos, com Tabela da Análise de Variância: Modelo 96.
- § Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelos 16 e 17.
- § Delineamento em Blocos Completos, Análise com Covariável: Modelo 119.
- § Delineamento em Blocos Aumentados (Incompletos): Modelos 74 e 76.
- § Delineamento Inteiramente ao Acaso: Modelo 83.
- § Delineamento Linha-Coluna: Modelo 58.
- § Ausência de Delineamento Experimental: Modelo 58.

Uma análise com covariável para o delineamento de blocos incompletos pode ser realizada empregando-se o modelo 127, porém ajustando blocos no lugar de parcela. Maiores detalhes podem ser vistos na descrição do modelo 127.

No Selegen Windows, os modelos 20, 21, 16, 17, 58, 74, 76 e 83 podem ser encontrados na caixa "Modelos Mistos: Delineamentos Experimentais / Materiais Genéticos / Ambientes" da tela principal. O modelo 96 pode ser encontrado na caixa "Análise de Variância/REML" e os modelos 119 e 127 podem ser encontrados na caixa "Modelos Mistos com Covariável".

4.1.1 Blocos Completos (Modelos 20, 21 e 96)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se empregar os modelos 16 ou 17, seguindo a seqüência de colunas de tais modelos e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados**Parcela Genótipo Repetição Obs/Parc Variáveis**

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições.

Parcela	Genótipo	Repetição	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	2	1	12.4	0.25
3	2	1	1	8.5	0.14
4	2	2	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados**Componentes de Variância****1. Componentes de Variância (REML Individual)**

Vg: variância genotípica.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$h2mc$: herdabilidade da média de genótipo, assumindo ausência de perda de parcelas.

Acclon: acurácia da seleção de genótipos, assumindo ausência de perda de parcelas.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

$CVr = CVg/CVe$ = coeficiente de variação relativa.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo ausência de perda de parcelas.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo ausência de perda de parcelas.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança**2. Componentes de Média (BLUP Individual)****Seleção de Genótipos**

Ordem	Genótipos	g	u + g	Ganho	Nova Média
1	133	0.5969	5.2398	0.5969	5.2398
2	123	0.4809	5.1237	0.5389	5.1817
3	119	0.3555	4.9984	0.4778	5.1206
4	122	0.3344	4.9772	0.4419	5.0848
5	124	0.3032	4.9461	0.4142	5.0570

em que: g: efeito genotípico predito; u + g: média genotípica ou valores genotípicos

Os valores genotípicos preditos, em conjunto com a estimativa SEP podem ser usados para a obtenção de intervalos de confiança dos valores genotípicos preditos por meio da expressão $(u + g) \pm t_{SEP}$, que $t = 1.96$ é o valor tabelado da distribuição t de Student. Isto é realizado pelo Selegen e apresentado no arquivo com extensão .fam, que apresenta também a acurácia exata para cada genótipo. Verificando-se a sobreposição desses intervalos de confiança pode-se inferir sobre comparações múltiplas entre genótipos baseando-se em seus valores genotípicos preditos. Esses resultados são apresentados abaixo, em que LIIC e LSIC referem-se aos limites inferior e superior do intervalo de confiança, respectivamente. Outra forma de verificar a existência diferença significativa entre os genótipos é por meio da diferença mínima significativa dada por $LSD = DMS \cdot 1.4142 \cdot t_{SEP} = 1.4142 \cdot 1.96 \cdot SEP = 2.7718 \cdot SEP$. A diferença entre esse último procedimento e a comparação (sobreposição de intervalos de confiança - SIC) entre o LIIC de um genótipo superior com o LSIC de um genótipo ordenado abaixo desse genótipo superior refere-se apenas ao fato de que nesse caso a diferença mínima significativa é dada por $2 \cdot t \cdot SEP$ em contraste com $1.414 \cdot t \cdot SEP$ no caso do LSD. Assim, o procedimento SIC é mais conservador ou mais rigoroso no sentido de propiciar uma maior dificuldade de detecção de diferenças significativas. Mas como o teste t não é um teste muito rigoroso, a abordagem SIC é adequada. Outro teste de médias é fornecido pelo modelo 104, conforme explicado no tópico 27.4.

Ordem	Genótipos	u + g	LIIC	LSIC
1	133	5.2399	4.9821	5.4977
2	123	5.1238	4.8660	5.3817
3	119	4.9985	4.7406	5.2563
4	122	4.9773	4.7195	5.2351
5	124	4.9462	4.6883	5.2040

Verifica-se, pelos resultados acima, que os genótipos 122 e 124 diferem do genótipo 133, visto que seus LSIC são inferiores ao LIIC do genótipo 133.

Com respeito a comparações múltiplas é importante relatar que os testes estatísticos provam apenas diferenças, ou seja, não provam igualdades. Assim, pode-se provar estatisticamente que determinados efeitos genotípicos não são iguais. Mas não se pode provar que determinados efeitos genotípicos são iguais. Pode-se apenas dizer que não se conseguiu provar diferenças entre eles. Assim, genótipos com mesma letra em um teste de comparação múltipla não podem ser tomados como iguais, mas apenas que suas diferenças não puderam ser provadas como estatisticamente significativas, dada a experimentação empregada.

4.1.2 Blocos Incompletos (Modelos 16 e 17)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + Wb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Genótipo Repetição Bloco Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 repetições e 4 blocos.

Parcela	Genótipo	Repetição	Bloco	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
3	2	1	1	1	8.5	0.14
5	3	1	2	1	8.6	0.54
7	4	1	2	1	8.7	0.94
2	1	2	3	1	12.4	0.25
4	2	2	4	1	5.2	0.34
6	3	2	3	1	5.3	0.74
8	4	2	4	1	5.4	0.11

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2bloc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

$h2mc$: herdabilidade ajustada da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

Acclon: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

$CVr = CVg/CVe =$ coeficiente de variação relativa.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

4.1.3. Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 119)

Modelo Estatístico

$y = Xr + bCov + Zg + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente b refere-se à regressão associada à covariável Cov. As letras romanas maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Genótipo Repetição Obs/Parc Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação 2 variáveis em 4 genótipos em 2 repetições.

Parcela	Genótipo	Repetição	Obs/Parcela	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
3	2	1	1	0	8.5	0.14
5	3	1	1	2	8.6	0.54
7	4	1	1	3	8.7	0.94
2	1	2	1	3	12.4	0.25
4	2	2	1	2	5.2	0.34
6	3	2	1	3	5.3	0.74
8	4	2	1	1	5.4	0.11

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2g} = h₂: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

h_{2mc}: herdabilidade da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

Acclon: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

4.1.4 Delineamento em Blocos Aumentados (Incompletos): Modelos 74 e 76

Os delineamentos em blocos aumentados são caracterizados pela ausência de repetições dos tratamentos principais e pela presença de testemunhas repetidas em todos os blocos. Em geral, são usados nas etapas iniciais dos programas de melhoramento, situação essa em que pode se dispor de um número limitado de propágulos por acesso. As testemunhas podem ser consideradas de efeitos fixos ou de efeitos aleatórios. Na concepção original (Federer, 1958) são consideradas de efeitos fixos. Em termos da metodologia de modelos mistos, se as testemunhas são avaliadas em muitas repetições, pode-se considerá-las como de efeitos aleatórios. Nesse caso, considerá-las como de efeitos fixos ou aleatórios conduz praticamente aos mesmos resultados. Isto porque a herdabilidade da média da testemunha ou fator de shrinkage tende a 1 tal como o é assumido quando os efeitos de testemunhas são tratados como fixos. O Selegen permite considerar as duas opções: testemunha como efeito aleatório (modelo 74) e testemunha como efeito fixo (modelo 76). Em tais delineamentos os blocos são incompletos no que concerne aos tratamentos principais. Assim, podem ser analisados também pelos

modelos 16 e 17, na situação em que considera-se os efeitos de testemunhas como aleatórios. Nesse caso, ajusta-se a média geral na coluna de repetição, a qual deve ser toda preenchida com o número 1.

Modelo Estatístico

$y = Xf + Zg + Wb + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos assumidos como fixos (média geral para o modelo 74 e médias de testemunhas e média da população de tratamentos principais para o modelo 76), g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos ambientais de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados – Modelo 74

Parcela Genótipo Média-Geral Bloco Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos e uma testemunha, em 2 blocos.

Parcela	Genótipo	Média	Bloco	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	2	1	1	1	8.5	0.14
3	T	1	1	1	8.6	0.54
4	3	1	2	1	8.7	0.94
5	4	1	2	1	12.4	0.25
6	T	1	2	1	5.2	0.34

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados – Modelo 76

Parcela Genótipo População-Testemunhas Bloco Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos e duas testemunhas, em 2 blocos.

Parcela	Genótipo	Pop-Test	Bloco	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	2	1	1	1	8.5	0.14
3	T1	2	1	1	8.6	0.54
4	T2	3	1	1	8.7	0.94
5	3	1	2	1	12.4	0.25
6	4	1	2	1	5.2	0.34
7	T1	2	2	1	5.3	0.74
8	T2	3	2	1	5.4	0.11

Na coluna Pop-Test a população dos tratamentos principais é preenchida com determinado dígito ou código e as testemunhas são preenchidas com outros códigos. No presente exemplo, codificou-se a população dos tratamentos principais com o número 1 e as testemunhas T1 com o número 2 e T2 com o número 3. Poder-se-ia ter utilizado os próprios códigos T1 e T2. Os arquivos não necessitam estar ordenados dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2bloc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

$h2mgen$: herdabilidade ajustada da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

$Acgen$: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

No caso do modelo 76, a média geral apresentada equivale à média das médias das testemunhas e da população de tratamentos principais. Esses valores isolados são apresentados logo abaixo da média geral.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

4.1.5 Delineamento Inteiramente ao Acaso (DIC): Modelo 83

Modelo Estatístico

$y = Xu + Zg + e$, em que y é o vetor de dados, u é o escalar referente à média geral (efeito fixo), g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Genótipo Média Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições.

Parcela	Genótipo	Média	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	10.3	0.35
2	2	1	1	12.4	0.25
3	1	1	1	8.5	0.14
4	2	1	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

4.1.6 Delineamento Linha-Coluna: Modelo 58

Modelo Estatístico

$y = Xu + Zg + Wl + Tc + e$, em que y é o vetor de dados, u é o escalar referente à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), l é o vetor dos efeitos de linha (assumidos como aleatórios), c é vetor dos efeitos de coluna (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Genótipo Média Linha Coluna Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições.

Parcela	Genótipo	Média	Linha	Coluna	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	2	1	1	2	1	8.5	0.14
3	1	1	2	1	1	8.6	0.54
4	2	1	2	2	1	8.7	0.94

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vlinha: variância ambiental entre linhas.

Vcoluna: variância ambiental entre colunas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$h2aj$: herdabilidade individual no sentido amplo, ajustada para os efeitos de linha e coluna.

$c2linha$: coeficiente de determinação dos efeitos de linhas.

$c2coluna$: coeficiente de determinação dos efeitos de colunas.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

4.1.7 Ausência de Delineamento experimental: Modelo 58

Avaliações genéticas de parcelas ou plantas igualmente espaçadas em plantios comerciais podem ser realizadas por meio desse modelo, atribuindo-se linhas e colunas em um retângulo da plantação. Também, efeitos de diferentes talhões podem ser ajustados na coluna designada para a média geral. Deve-se escolher a opção BLUP e fornecer um valor conhecido da herdabilidade do

caráter sob seleção. A variância fenotípica necessária pode ser obtida por meio do procedimento REML.

4.1.8 Avaliação em um só Local e Safra - Grupos de Experimentos: Modelos 16 ou 17

Grupos de experimentos são conduzidos quando se tem um grande número de materiais genéticos a serem avaliados e o material é dividido em grupos instalados em diferentes experimentos. Por exemplo, 200 híbridos avaliados em 4 experimentos com 50 híbridos cada um e determinado número de repetições. No contexto da análise de modelos mistos, esse tipo de experimentação pode ser englobado na classe de blocos incompletos. Assim, podem ser usados os modelos 16 ou 17 para análise. Considerando o total de experimentos, os blocos são incompletos e portanto devem ser tratados como efeitos aleatórios visando recuperar informação genética interblocos. Os experimentos também são incompletos e portanto devem preferencialmente ser tratados como de efeitos aleatórios, especialmente quando o número de tratamentos por experimento é pequeno.

Existem duas formas alternativas de análise: tratando os efeitos de experimento como fixo ou como aleatório. Tratando-se os efeitos de experimento como fixos, tem-se o seguinte modelo e forma de montar as colunas do arquivo de dados.

Modelo Estatístico

$y = Xt + Zg + Wb + e$, em que y é o vetor de dados, t é o vetor dos efeitos (assumidos como fixos) de experimento ou teste somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Genótipo Repetição Bloco Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 8 genótipos em 2 experimentos e 4 blocos.

Parcela	Genótipo	Experimento	Bloco	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
3	2	1	1	1	8.5	0.14
5	3	1	2	1	8.6	0.54
7	4	1	2	1	8.7	0.94
2	5	2	3	1	12.4	0.25
4	6	2	4	1	5.2	0.34
6	7	2	3	1	5.3	0.74
8	8	2	4	1	5.4	0.11

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. A numeração dos blocos deve ser seqüencial de um experimento para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada experimento.

Interpretação dos Resultados

A interpretação dos resultados segue exatamente conforme descrito para o tópico 4.1.2.

Tratando-se os efeitos de experimento como aleatórios, tem-se o seguinte modelo e forma de montar as colunas do arquivo de dados.

Modelo Estatístico

$y = Xu + Zg + Wb + e$, em que y é o vetor de dados, u é o escalar contendo a média geral (fixo), g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Genótipo Média Bloco Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 experimentos com 2 blocos cada um.

Parcela	Genótipo	Média Geral	Bloco	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
3	2	1	1	1	8.5	0.14
5	3	1	2	1	8.6	0.54
7	4	1	2	1	8.7	0.94
2	1	1	3	1	12.4	0.25
4	2	1	4	1	5.2	0.34
6	3	1	3	1	5.3	0.74
8	4	1	4	1	5.4	0.11

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. A numeração dos blocos deve ser seqüencial de um experimento para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada experimento. Os efeitos aleatórios de experimentos são distribuídos nos efeitos de blocos.

Interpretação dos Resultados

A interpretação dos resultados segue exatamente conforme descrito para o tópico 4.1.2.

4.2 Avaliação em Vários Locais (Ambientes) e em uma só Colheita

Os experimentos com genótipos repetidos em vários locais caracterizam-se pela presença de correlação em nível dos efeitos de tratamentos ou genótipos através dos locais. Os demais efeitos (por exemplo, blocos e resíduo) são não correlacionados através dos locais. A modelagem completa e

ótima dos efeitos de tratamentos é propiciada pelo modelo multivariado, com estrutura de covariância não estruturada (UN), o qual trata os vários locais como se fossem diferentes caracteres, conforme descrito por Resende et al. (1999). Nesse caso, contempla-se tanto a heterogeneidade de variâncias quanto de covariâncias entre locais, as quais conduzem também a heterogeneidade de correlações entre pares de locais. No entanto, essa modelagem é a mais complexa possível e, com grande número de locais, é proibitiva devido à necessidade de estimação de um grande número de parâmetros e à dificuldade de convergência na análise.

A modelagem mais simples e parcimoniosa possível baseia-se na estrutura de simetria composta (CS), a qual assume tanto homogeneidade de variâncias quanto de covariâncias entre locais. Essa abordagem é desejável porque depende do menor número possível de estimativas de parâmetros. No entanto, pode ser ineficiente no caso de grande heterogeneidade de variância e covariância entre locais. A modelagem via estrutura CS é exatamente igual à abordagem de um modelo univariado misto com efeito de genótipos e de interação (ou combinação) genótipos x ambientes conforme descrito por Resende (2002;2004) e Piepho e Mohring (2005) e apresentado nos itens em seqüência. Para uma aplicação segura dessa estrutura CS, recomenda-se em caso de presença de grande heterogeneidade de variâncias, a correção prévia dos dados de cada local por meio da multiplicação dos mesmos pela razão h_i/h_m , em que h_i refere-se à raiz quadrada herdabilidade no local i e h_m refere-se à raiz quadrada da média das herdabilidades nos vários ambientes, conforme Resende (2004). Esse procedimento considera simultaneamente a heterogeneidade de variância genética e residual. Procedendo-se dessa forma, a aplicação da estrutura CS fornece resultados semelhantes aqueles que se obtém quando se aplica a estrutura de simetria composta com variâncias heterogêneas (CSH).

No caso de análises conjuntas de locais dois a dois e com presença de homogeneidade de variâncias (ou corrigindo a heterogeneidade), a aplicação das estruturas UN e CS produzem resultados semelhantes. Ainda no caso de análises de locais dois a dois, com heterogeneidade de variâncias, as estruturas UN e CSH são idênticas. Com análises envolvendo mais que dois locais e com presença de homogeneidade de variâncias (ou corrigindo a heterogeneidade), as estruturas UN e CSH produzem resultados semelhantes. Em resumo, com correção para a heterogeneidade de variâncias e em presença de correlações genéticas não muito discrepantes entre pares de locais não há necessidade de se usar o modelo multivariado ou estrutura UN.

Com correlações genéticas muito discrepantes entre pares de locais e grande número de locais, outras estruturas intermediárias entre UN e CS podem ser usadas. Dentre essas, citam-se: fator analítica multiplicativa sob modelos mistos (FAMM), que é análoga ao modelo AMMI porém considera genótipos como efeitos aleatórios (Resende e Thompson, 2003; 2004); componentes principais genéticos sob modelos mistos (Meyer e Kirkpatrick, 2005); autoregressiva com variâncias heterogêneas (ARH); antedependência estruturada (SAD); Toeplitz ou de correlação bandada; modelos de regressão aleatória; ajuste de splines. Essas estruturas são usadas para modelagem de matrizes de covariância e de correlação em vários contextos, sejam eles espaciais (entre locais e dentro de locais) ou temporais (medidas repetidas no tempo). Entretanto, no caso de ensaios multi-locais com vegetais, apenas a estrutura FAMM parece adequada, permitindo considerar, sob modelos parcimoniosos, a presença de heterogeneidade das correlações entre locais. Os demais modelos citados são mais adequados a estudos de medidas repetidas no tempo, em que as correlações seguem alguns padrões em função das distâncias entre as medidas consideradas, em geral havendo decréscimo das correlações em função do aumento dessas distâncias. Esse não é o caso das correlações envolvendo diferentes

ambientes. Esses métodos serão mais bem comentados em tópico seguinte.

Os experimentos em blocos completos, incompletos ou blocos aumentados, instalados em vários locais e com avaliações realizadas ao nível de totais ou de médias por parcelas (gerando uma só observação por parcela), podem ser analisados pelos seguintes modelos do Selegen (para materiais genéticos não aparentados):

§ Delineamento em Blocos Completos: Modelos 23 e 25

§ Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelos 11 e 26

§ Análise de Estabilidade e Adaptabilidade sob Modelos Mistos pelo Método MHPRVG

- Blocos Completos e uma Observação por Parcela: Modelo 54

- Blocos Incompletos e uma Observação por Parcela: Modelo 52

- Blocos Aumentados e uma Observação por Parcela – Testemunha de Efeito Aleatório: Modelo 75

- Blocos Aumentados e uma Observação por Parcela – Testemunha de Efeito Fixo: Modelo 77

Uma análise com covariável para o delineamento de blocos completos em vários locais pode ser realizada empregando-se o modelo 127, porém ajustando a interação no lugar de parcela. Análise com covariável para o delineamento de blocos incompletos em vários locais pode ser realizada empregando-se o modelo 128, porém ajustando blocos no lugar de parcela. Maiores detalhes podem ser vistos nas descrições dos modelos 127 e 128.

No Selegen Windows, os modelos 23, 25, 11, 26, 75 e 77 podem ser encontrados na caixa “Modelos Mistos: Delineamentos Experimentais/Materiais Genéticos/Ambientes” da tela principal. Os modelos 52 e 54 podem ser encontrados na caixa “Produtividade, Estabilidade e Adaptabilidade”. Os modelos 127 e 128 podem ser encontrados na caixa “Modelos Mistos com Covariável”.

4.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelos 23 e 25)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + Wi + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todos as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios pode-se empregar os modelos 11 ou 26, seguindo a seqüência de colunas de tais modelos e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos nos vários locais. Em ambos os casos, ou seja, com efeitos de repetições e locais como fixos ou aleatórios, os efeitos desses dois fatores são ajustados de forma confundida. Mesmo assim, essa análise apresenta eficiência máxima, ou seja, a mesma eficiência que se obteria com o ajuste em separado dos efeitos de locais e de repetições.

O modelo descrito é de simetria composta (CS) na matriz de covariância genotípica e é uma versão equivalente e generalizada (no sentido de atender tanto a dados balanceados quanto desbalanceados) do modelo tradicionalmente empregado para a análise conjunta de experimentos, dado por $Y_{ijk} = u + g_i + b_{j/k} + l_k + gl_{ik} + e_{ijk}$, em que u é o efeito da média geral, g_i é o efeito do genótipo i , $b_{j/k}$ é o efeito do bloco j dentro do local k , l_k é o efeito do local k , gl_{ik} é o efeito da interação genótipos \times locais e e_{ijk} é o erro ou resíduo aleatório. Há a seguinte correspondência com o modelo descrito nesse item: $r = u + b_{j/k} + l_k$; $g = g_i$; $i = gl_{ik}$; $e = e_{ijk}$.

Desejando-se ajustar os efeitos de locais como fixos e os efeitos de repetições como aleatórios pode-se proceder conforme descrito no tópico 21.7.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Genótipo Repetição Interação Local Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2).

Parcela	Genótipo	Repetição	Interação	Local	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	12	1	8.5	0.14
3	1	2	11	1	8.6	0.54
4	2	2	12	1	8.7	0.94
5	1	3	21	2	12.4	0.25
6	2	3	22	2	5.2	0.34
7	1	4	21	2	5.3	0.74
8	2	4	22	2	5.4	0.11

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =E2&B2, quando se tem a codificação de locais na coluna E e de genótipos na coluna B. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2int = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

$h2mc$: herdabilidade da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

Acclon: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

4.2.2 Blocos Incompletos em Vários Locais (Modelos 11 e 26)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + Wb + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios basta preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições e de locais serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Genótipo Repetição Bloco Interação Local Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 repetições e 4 blocos em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2).

Parcela	Genótipo	Repetição	Bloco	Interação	Local	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	1	12	1	8.5	0.14
3	3	1	2	13	1	8.6	0.54
4	4	1	2	14	1	1.6	2.40
5	1	2	3	11	1	10.4	0.35
6	2	2	3	12	1	8.7	0.14
7	3	2	4	13	1	8.8	0.54
8	4	2	4	14	1	1.7	2.50
9	1	3	5	21	2	10.5	0.35
10	2	3	5	22	2	8.9	0.14
11	3	3	6	23	2	8.1	0.54
12	4	3	6	24	2	1.8	2.60
13	1	4	7	21	2	10.6	0.35
14	2	4	7	22	2	8.1	0.14
15	3	4	8	23	2	8.2	0.54
16	4	4	8	24	2	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =F2&B2, quando se tem a codificação de locais na coluna F e de genótipos na coluna B. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2g = h2: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2bloc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

c2int = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

h2mc: herdabilidade ajustada da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

Acclon: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

4.2.3 Delineamento em Blocos Aumentados (Incompletos) em Vários Locais – Método MHPRVG: Modelos 75 e 77

Para experimentos no delineamento em blocos aumentados repetidos em vários locais o Selegen permite considerar as duas opções de análise: testemunha como efeito aleatório (modelo 75) e testemunha como efeito fixo (modelo 77). Em tais delineamentos os blocos são incompletos no que concerne aos tratamentos principais. Assim, podem ser analisados também pelos modelos 11 e 26, na situação em que considera-se os efeitos de testemunhas como aleatórios. Nesse caso, ajusta-se os efeitos de locais na coluna de repetição, a qual deve ser preenchida com os códigos de locais.

Modelo Estatístico

$y = Xf + Zg + Wb + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos assumidos como fixos (média de locais para o modelo 75 e médias de testemunhas e média da população de tratamentos principais em cada local para o modelo 77), b é o vetor dos efeitos ambientais de blocos (assumidos como aleatórios), g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Desejando-se ajustar os efeitos de locais como aleatórios basta preencher toda a coluna de local com 1 (onde será ajustada a média geral) para o modelo 75 e deve-se preencher a coluna População-Testemunha-Local somente com os códigos das testemunhas e da população principal, ou

seja, os mesmos códigos para todos os locais. Neste caso, os efeitos de locais serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos onde serão ajustadas combinações bloco-local.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados – Modelo 75

Parcela Genótipo Local Bloco Interação Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos e 2 testemunhas e 2 blocos em cada um de 2 locais.

Local	Parcela	Genótipo	Local	Bloco	Interação	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
1	2	2	1	1	12	1	8.5	0.14
1	3	3	1	2	13	1	8.6	0.54
1	4	4	1	2	14	1	1.6	2.40
1	5	T1	1	1	1T1	1	10.4	0.35
1	6	T2	1	1	1T2	1	8.7	0.14
1	7	T1	1	2	1T1	1	8.8	0.54
1	8	T2	1	2	1T2	1	1.7	2.50
2	9	1	2	3	21	1	10.5	0.35
2	10	2	2	3	22	1	8.9	0.14
2	11	3	2	4	23	1	8.1	0.54
2	12	4	2	4	24	1	1.8	2.60
2	13	T1	2	3	2T1	1	10.6	0.35
2	14	T2	2	3	2T2	1	8.1	0.14
2	15	T1	2	4	2T1	1	8.2	0.54
2	16	T2	2	4	2T2	1	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada local.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados – Modelo 77**Parcela Genótipo População-Testemunhas-Local Bloco Interação Obs/Parc Variáveis**

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos e 2 testemunhas e 2 blocos em cada um de 2 locais.

Local	Parcela	Genótipo	Pop-Test-Loc	Bloco	Interação	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
1	2	2	1	1	12	1	8.5	0.14
1	3	3	1	2	13	1	8.6	0.54
1	4	4	1	2	14	1	1.6	2.40
1	5	T1	2	1	1T1	1	10.4	0.35
1	6	T2	3	1	1T2	1	8.7	0.14
1	7	T1	2	2	1T1	1	8.8	0.54
1	8	T2	3	2	1T2	1	1.7	2.50
2	9	1	4	3	21	1	10.5	0.35
2	10	2	4	3	22	1	8.9	0.14
2	11	3	4	4	23	1	8.1	0.54
2	12	4	4	4	24	1	1.8	2.60
2	13	T1	5	3	2T1	1	10.6	0.35
2	14	T2	6	3	2T2	1	8.1	0.14
2	15	T1	5	4	2T1	1	8.2	0.54
2	16	T2	6	4	2T2	1	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada local.

Na coluna Pop-Test-Loc a população dos tratamentos principais é preenchida com determinado dígito ou código em cada local e as testemunhas são preenchidas com outros códigos em cada local. No presente exemplo, codificou-se a população dos tratamentos principais no local 1 com o número 1, a testemunha T1 no local 1 com o número 2, T2 no local 1 com o número 3, a população dos tratamentos principais no local 2 com o número 4, a testemunha T1 no local 2 com o número 5 e T2 no local 2 com o número 6. Poder-se-ia ter utilizado os próprios códigos T1 e T2.

Interpretação dos Resultados**Componentes de Variância**

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2bloc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

$c2int = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

No caso do modelo 77, a média geral apresentada equivale à média das médias das testemunhas e da população de tratamentos principais em todos os locais. Esses valores isolados são apresentados logo abaixo da média geral.

Valores Genotípicos

2. Componentes de Média (BLUP Individual)

Seleção de Genótipos - Todos Locais

Ordem	Genótipo	g	u+g	Ganho	Nova Média	U+g+gem
1	9	0.0385	0.2179	0.0385	0.2179	0.2402
2	7	0.0316	0.2111	0.0351	0.2145	0.2327
3	18	0.0191	0.1985	0.0297	0.2092	0.2188
4	1	0.0164	0.1959	0.0264	0.2058	0.2159
5	19	0.0128	0.1923	0.0237	0.2031	0.2119

Esses resultados são referentes aos efeitos (g) e valores (u + g) genotípicos preditos, livres de toda interação com ambientes. A quantidade (u + g + gem) refere-se ao valor genotípico médio nos vários ambientes e capitaliza uma interação média com todos os ambientes avaliados.

Seleção de Genótipos por Local

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova Média
1	1	9	0.0485	0.2508	0.0485	0.2508
	2	7	0.0365	0.2387	0.0425	0.2447
	3	2	0.0250	0.2272	0.0367	0.2389
	4	18	0.0207	0.2229	0.0327	0.2349
	5	1	0.0185	0.2207	0.0298	0.2321
2	1	15	0.0056	0.1839	0.0056	0.1839
	2	8	0.0055	0.1838	0.0056	0.1838
	3	7	0.0051	0.1834	0.0054	0.1837
	4	3	0.0051	0.1833	0.0053	0.1836
	5	18	0.0044	0.1826	0.0051	0.182634

Nessa seção são apresentados os valores genotípicos preditos para cada local ($u + g + ge$), ou seja, os valores genotípicos capitalizando a interação com os ambientes.

Estabilidade de Valores Genéticos (MHVG)

Ordem	Genótipo	MHVG
1	5	0.2176
2	9	0.2098
3	7	0.2074
4	18	0.2008
5	1	0.1991

Estes resultados são referentes à estabilidade genotípica pelo método da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), conforme Resende (2002; 2004). No contexto dos modelos mistos, este é um método para ordenamento de genótipos simultaneamente por seus valores genéticos (produtividade) e estabilidade e refere-se a um procedimento BLUP sob médias harmônicas. Quanto menor for o desvio padrão do comportamento genotípico através dos locais, maior será a média harmônica de seus valores genotípicos através dos locais. Assim, a seleção pelos maiores valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) implica simultaneamente seleção para produtividade e estabilidade.

Adaptabilidade de Valores Genéticos (PRVG)

Ordem	Genótipo	PRVG	PRVG+MG
1	9	1.1258	0.2020
2	7	1.1045	0.1982
3	5	1.0760	0.1931
4	18	1.0634	0.1908
5	1	1.0545	0.1892

Tais resultados são referentes à adaptabilidade genotípica pelo método da performance relativa dos valores genotípicos preditos (PRVG) através dos ambientes. Neste caso, os valores genotípicos preditos são expressos como proporção da média geral de cada local e, posteriormente, obtém-se o valor médio desta proporção através dos locais. Genericamente, a performance relativa tem sido usada há longo tempo em termos de dados fenotípicos e, nesses termos, constitui a base do método de Annicchiarico (1992). A quantidade PRVG*MG refere-se à performance genotípica relativa média multiplicada pela média geral de todos os locais. Fornece, portanto, o valor genotípico médio, capitalizando a adaptabilidade.

Estabilidade e Adaptabilidade de Valores Genéticos (MHPRVG)

Ordem	Genótipo	MHPRVG	MHPRVG+MG
1	9	1.1142	0.1999
2	7	1.0993	0.1973
3	5	1.0760	0.1931
4	18	1.0620	0.1906
5	1	1.0532	0.1890

A seção imediatamente acima refere-se a uma medida simultânea da produtividade, estabilidade e adaptabilidade pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG). Tal método é similar ao método de Linn e Binns (1988), porém no contexto genotípico e não no contexto fenotípico. A quantidade MHPRVG*MG refere-se à MHPRVG multiplicada pela média geral de todos os locais. Fornece, portanto, o valor genotípico médio penalizado pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade.

Este método permite selecionar simultaneamente pelos três atributos mencionados e apresenta as seguintes vantagens: (i) considera os efeitos genotípicos como aleatórios e portanto fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica; (ii) permite lidar com desbalanceamento; (iii) permite lidar com delineamentos não ortogonais; (iv) permite lidar com heterogeneidade de variâncias; (v) permite considerar erros correlacionados dentro de locais; (vi) fornece valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade; (vii) pode ser aplicado com qualquer número de ambientes; (viii) permite considerar a estabilidade e adaptabilidade na seleção de indivíduos dentro de progênie; (ix) não depende da estimação de outros parâmetros tais quais coeficientes de regressão; (x) gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado; (xi) permite computar o ganho genético com a seleção pelos três atributos simultaneamente. Estes últimos dois fatores são bastante importantes. Outros métodos como o de Lin e Binns fornecem resultados que não são interpretados diretamente

como valores genéticos e, portanto, não permitem computar o ganho genético no caráter composto pela produtividade, estabilidade e adaptabilidade. O método de Annicchiarico depende, adicionalmente, de suposições de valores Z_a .

Interação ge

Os efeitos ge equivalem à interação entre genótipos e ambientes. O código 12 refere-se ao efeito do local 1 sobre o genótipo 2, como desvio em relação à média geral e livre dos demais efeitos tais quais g, dentre outros. No caso, o efeito 12 é positivo no sentido de aumentar a performance do genótipo 2 no ambiente 1.

Interação	ge	Média dos Locais	
		Local	Média
11	0.0020	1	0.2022
12	0.0177	2	0.1782
21	-0.0028	3	0.1578
22	0.0008		
23	0.0028		

Comparação entre as várias Predições de Valores Genotípicos

Seis modalidades de valores genotípicos são preditas para cada genótipo: (a) por local ($u + g + ge$); (b) para vários locais, livres da interação $g \times e$ ($u + g$); (c) para a média dos locais, capitalizando o efeito médio da interação ($u + g + gem$); (d) para vários locais penalizando pela instabilidade de cada genótipo (MHVG); (e) para a média dos locais, capitalizando a capacidade de resposta de cada genótipo à melhoria do ambiente (PRVG); (f) para a média dos locais, penalizando pela instabilidade e capitalizando pela adaptabilidade (MHPRVG).

Em termos de inferências sobre a produtividade esperada, tais valores genotípicos devem ser usados da seguinte maneira:

- (i) para plantio em cada local da rede experimental: considerar valores genotípicos (médias genéticas) descritos em (a);
- (ii) para plantio em vários outros locais com o mesmo padrão de interação $g \times e$ e da rede experimental: considerar valores genotípicos (médias genéticas) descritos em (c) ou (e);
- (iii) para plantio em outros locais desconhecidos ou com padrão de interação $g \times e$ diferente daquele da rede experimental ou com alta heterogeneidade ambiental dentro de local: considerar valores genotípicos (médias genéticas) descritos em (b) ou (d);
- (iv) para plantio em vários outros locais com variados padrão de interação $g \times e$: considerar valores genotípicos (médias genéticas) descritos em (f).

Os métodos que mais penalizam os valores genotípicos preditos são, pela ordem: (d) e (b); (f), (e) e (c); (a). Dentre esses, (d) e (b) são similares, sendo que (d) tende a ser superior, na consideração do conceito de estabilidade, por particularizar melhor a interação para cada genótipo. Também (c), (e) e (f) geram resultados mais similares entre eles. De maneira genérica, pode-se dizer que os métodos

MHVG e MHPRVG são opções seguras, sendo o MHVG um pouco mais conservador.

4.2.4 Delineamento em Blocos Completos em Vários Locais e uma Observação por Parcela – Método MHPRVG: Modelo 54

Essa situação refere-se a uma extensão dos modelos 23 e 25.

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + Wi + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todos as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios pode-se empregar o modelo 52, seguindo a seqüência de colunas de tal modelo e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos nos vários locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de locais como fixos e os efeitos de repetições como aleatórios pode-se proceder conforme descrito no tópico 21.8.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Local Parcela Genótipo Repetição Interação Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2).

Local	Parcela	Genótipo	Repetição	Interação	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
1	2	2	1	12	1	8.5	0.14
1	3	1	2	11	1	8.6	0.54
1	4	2	2	12	1	8.7	0.94
2	5	1	3	21	1	12.4	0.25
2	6	2	3	22	1	5.2	0.34
2	7	1	4	21	1	5.3	0.74
2	8	2	4	22	1	5.4	0.11

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2int = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

$h2mg$: herdabilidade da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

Acgen: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos

Os comentários apresentados no item 4.2.3 são igualmente válidos.

4.2.5 Delineamento em Blocos Incompletos em Vários Locais e Uma Observação por Parcela – Método MHPRVG: Modelos 52.

Essa situação refere-se a uma extensão do modelo 11 e 26.

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + Wb + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todos as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios basta preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições e de locais serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Local Parcela Genótipo Repetição Bloco Interação Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 repetições e 4 blocos em cada um de 2 locais.

Local	Parcela	Genótipo	Repetição	Bloco	Interação	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
1	2	2	1	1	12	1	8.5	0.14
1	3	3	1	2	13	1	8.6	0.54
1	4	4	1	2	14	1	1.6	2.40
1	5	1	2	3	11	1	10.4	0.35
1	6	2	2	3	12	1	8.7	0.14
1	7	3	2	4	13	1	8.8	0.54
1	8	4	2	4	14	1	1.7	2.50
2	9	1	3	5	21	1	10.5	0.35
2	10	2	3	5	22	1	8.9	0.14
2	11	3	3	6	23	1	8.1	0.54
2	12	4	3	6	24	1	1.8	2.60
2	13	1	4	7	21	1	10.6	0.35
2	14	2	4	7	22	1	8.1	0.14
2	15	3	4	8	23	1	8.2	0.54
2	16	4	4	8	24	1	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h^2g = h^2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c^2_{\text{bloc}} = c^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

$c^2_{\text{int}} = c^2_1$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

h^2_{mg} : herdabilidade ajustada da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

Acgen: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos Os comentários apresentados no item 4.2.3 são igualmente válidos.

4.2.6 Avaliação em Vários Locais e em uma só Safra - Grupos de Experimentos: Modelos 11 ou 16 e 52.

Os grupos de experimentos conduzidos em vários locais podem ser analisados segundo os modelos 11 ou 26. Para obter informações sobre adaptabilidade e estabilidade pode-se empregar o modelo 52.

Tratando-se os efeitos de experimentos como fixos, tem-se o seguinte modelo e forma de montar as colunas do arquivo de dados para os modelos 11 ou 16.

Modelo Estatístico

$y = X_t + Z_g + W_b + T_i + e$, em que y é o vetor de dados, t é o vetor dos efeitos de teste ou experimentos (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor t contempla todos os experimentos de todos os locais. É essencial que os experimentos sejam codificados com diferentes números nos diferentes locais. Nesse caso, os efeitos de local e de experimento dentro de local são ajustados como fixos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Genótipo Experimento Bloco Interação Local Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 experimentos e 4 blocos em cada um de 2 locais (experimentos 1 e 2 no local 1 e experimentos 3 e 4 no local 2).

Parcela	Genótipo	Experimento	Bloco	Interação	Local	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	1	12	1	8.5	0.14
3	3	1	2	13	1	8.6	0.54
4	4	1	2	14	1	1.6	2.40
5	1	2	3	11	1	10.4	0.35
6	2	2	3	12	1	8.7	0.14
7	3	2	4	13	1	8.8	0.54
8	4	2	4	14	1	1.7	2.50
9	1	3	5	21	2	10.5	0.35
10	2	3	5	22	2	8.9	0.14
11	3	3	6	23	2	8.1	0.54
12	4	3	6	24	2	1.8	2.60
13	1	4	7	21	2	10.6	0.35
14	2	4	7	22	2	8.1	0.14
15	3	4	8	23	2	8.2	0.54
16	4	4	8	24	2	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando F2&B2, quando se tem a codificação de locais na coluna F e de genótipos na coluna B. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local.

Interpretação dos Resultados

A interpretação dos resultados segue exatamente conforme descrito para o tópico 4.2.2.

Tratando-se os efeitos de experimentos como aleatórios, tem-se o seguinte modelo e forma de montar as colunas do arquivo de dados para os modelos 11 ou 16.

Modelo Estatístico

$y = Xu + Zg + Wb + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, u é o escalar referente à média geral (fixo), g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e e

é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Nesse caso, os efeitos de local e de experimento dentro de local são ajustados como aleatórios.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Genótipo Média Bloco Interação Local Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 experimentos e 4 blocos em cada um de 2 locais (experimentos 1 e 2 no local 1 e experimentos 3 e 4 no local 2).

Parcela	Genótipo	Média	Bloco	Interação	Local	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	1	12	1	8.5	0.14
3	3	1	2	13	1	8.6	0.54
4	4	1	2	14	1	1.6	2.40
5	1	1	3	11	1	10.4	0.35
6	2	1	3	12	1	8.7	0.14
7	3	1	4	13	1	8.8	0.54
8	4	1	4	14	1	1.7	2.50
9	1	1	5	21	1	10.5	0.35
10	2	1	5	22	1	8.9	0.14
11	3	1	6	23	1	8.1	0.54
12	4	1	6	24	1	1.8	2.60
13	1	1	7	21	1	10.6	0.35
14	2	1	7	22	1	8.1	0.14
15	3	1	8	23	1	8.2	0.54
16	4	1	8	24	1	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando F2&B2, quando se tem a codificação de locais na coluna F e de genótipos na coluna B. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local.

Interpretação dos Resultados

A interpretação dos resultados segue exatamente conforme descrito para o tópico 4.2.2.

A análise de estabilidade e adaptabilidade pelo modelo 52 do Selegen seguem os modelos estatísticos descritos acima e as seqüências de colunas descritas abaixo.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados – Experimento como Efeito Fixo**Local Parcela Genótipo Experimento Bloco Interação Obs/Parc Variáveis**

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 experimentos e 4 blocos em cada um de 2 locais.

Local	Parcela	Genótipo	Média	Bloco	Interação	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
1	2	2	1	1	12	1	8.5	0.14
1	3	3	1	2	13	1	8.6	0.54
1	4	4	1	2	14	1	1.6	2.40
1	5	1	1	3	11	1	10.4	0.35
1	6	2	1	3	12	1	8.7	0.14
1	7	3	1	4	13	1	8.8	0.54
1	8	4	1	4	14	1	1.7	2.50
2	9	1	1	5	21	1	10.5	0.35
2	10	2	1	5	22	1	8.9	0.14
2	11	3	1	6	23	1	8.1	0.54
2	12	4	1	6	24	1	1.8	2.60
2	13	1	1	7	21	1	10.6	0.35
2	14	2	1	7	22	1	8.1	0.14
2	15	3	1	8	23	1	8.2	0.54
2	16	4	1	8	24	1	1.9	2.70

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados – Experimento como Efeito Aleatório**Local Parcela Genótipo Média Bloco Interação Obs/Parc Variáveis**

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 experimentos e 4 blocos em cada um de 2 locais.

Local	Parcela	Genótipo	Média	Bloco	Interação	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
1	2	2	1	1	12	1	8.5	0.14
1	3	3	1	2	13	1	8.6	0.54
1	4	4	1	2	14	1	1.6	2.40
1	5	1	1	3	11	1	10.4	0.35
1	6	2	1	3	12	1	8.7	0.14
1	7	3	1	4	13	1	8.8	0.54
1	8	4	1	4	14	1	1.7	2.50
2	9	1	1	5	21	1	10.5	0.35
2	10	2	1	5	22	1	8.9	0.14
2	11	3	1	6	23	1	8.1	0.54
2	12	4	1	6	24	1	1.8	2.60
2	13	1	1	7	21	1	10.6	0.35
2	14	2	1	7	22	1	8.1	0.14
2	15	3	1	8	23	1	8.2	0.54
2	16	4	1	8	24	1	1.9	2.70

A interpretação dos resultados de estabilidade e adaptabilidade segue conforme descrito no tópico 4.2.3.

4.3 Avaliação em um Só Local e em Várias Safras (Culturas Perenes)

A análise de experimentos de medidas (ou colheitas) repetidas nas mesmas parcelas e/ou Indivíduos apresenta peculiaridades pelo fato das várias colheitas serem correlacionadas entre si e pela possibilidade de haver heterogeneidade de variâncias e de covariâncias entre as várias colheitas ou safras. Um modelo completo e ótimo para analisar um conjunto de dados dessa natureza é o modelo multivariado (também denominado modelo com matriz de covariância não estruturada entre colheitas, UN) o qual trata cada colheita como se fosse uma variável diferente. E essa estrutura de covariância é aplicada a todos os fatores aleatórios do modelo tais quais os efeitos genotípicos de tratamentos, efeitos de parcela e os efeitos residuais. Porém, considerando um número relativamente grande (três ou mais) de colheitas tal modelo é difícil de ser ajustado (apresentando problema de convergência), além de ser superparametrizado, ou seja, depender da estimativa de um grande número de parâmetros.

Como apresentado no tópico 4.2, a modelagem mais simples para cada fator é via estrutura de covariância de simetria composta (CS), a qual assume tanto homogeneidade de variâncias quanto de covariâncias entre colheitas. Essa abordagem é desejável porque depende do menor número possível de estimativas de parâmetros. No entanto, pode ser ineficiente no caso de grande heterogeneidade de variância e covariância entre colheitas. Adotar a modelagem via estrutura CS para os fatores genótipos, parcela e resíduos é exatamente igual à abordagem de um modelo univariado com os fatores genótipos, blocos e colheitas (ou medições) e suas interações duplas e tripla. Para uma aplicação segura dessa estrutura CS, recomenda-se em caso de presença de grande heterogeneidade de variâncias, a correção prévia dos dados de cada colheita por meio da multiplicação dos mesmos pela razão h_i/h_m , em que h_i refere-se à raiz quadrada herdabilidade na colheita i e h_m refere-se à raiz quadrada da média das herdabilidades nas várias colheitas, conforme Resende (2004). Esse procedimento considera simultaneamente a heterogeneidade de variância genética e residual entre colheitas. Procedendo-se dessa forma, a aplicação da estrutura CS fornece resultados semelhantes aqueles que se obtém quando se aplica a estrutura de simetria composta com variâncias heterogêneas (CSH).

No caso de análises conjuntas de colheitas duas a duas e com presença de homogeneidade de variâncias (ou corrigindo a heterogeneidade), a aplicação das estruturas UN e CS produzem resultados semelhantes. Ainda no caso de análises de colheitas duas a duas, com heterogeneidade de variâncias, as estruturas UN e CSH são idênticas. Com análises envolvendo mais que duas colheitas e com presença de homogeneidade de variâncias (ou corrigindo a heterogeneidade), as estruturas UN e CSH produzem resultados semelhantes. Em resumo, com correção para a heterogeneidade de variâncias e em presença de correlações genéticas não muito discrepantes entre pares de colheitas não há necessidade de se usar o modelo multivariado ou estrutura UN.

Com correlações genéticas muito discrepantes entre pares de colheitas e grande número de colheitas, outras estruturas intermediárias entre UN e CS podem ser usadas. Dentre essas, citam-se: fator analítica multiplicativa sob modelos mistos (FAMM) (Resende e Thompson, 2003; 2004); componentes principais genéticos sob modelos mistos (PCAM) (Meyer e Kirkpatrick, 2005); autoregressiva com variâncias heterogêneas (ARH); antedependência estruturada (SAD); Toeplitz ou de correlação bandada; modelos de regressão aleatória (RR); ajuste de splines. Dentre os modelos citados, os mais adequados a estudos de medidas repetidas no tempo são: ARH, SAD, Toeplitz, RR, PCAM e Splines (Resende, 2002, p.522; Resende, 2004). No entanto, os modelos ajustados via RR, PCAM e Splines tendem a ser pouco efetivos no melhoramento de plantas devido ao pequeno número de colheitas praticado em cada genótipo. Isto foi comprovado por Resende e Thompson (2003). Tais técnicas são muito empregadas no melhoramento animal, em que indivíduos de diferentes idades são avaliados produzindo um grande número de pontos em termos de idades. Essas técnicas são mais adequadas para avaliar caracteres infinitamente dimensionais.

Dessa forma, para caracteres de plantas perenes, em que as correlações seguem alguns padrões em função das distâncias entre as medidas consideradas, em geral havendo decréscimo das correlações em função do aumento dessas distâncias, os modelos ARH e SAD tendem a ser os mais adequados (Resende e Thompson, 2003; Resende et al., 2006). Assim como o modelo ARH, o Toeplitz pode também ser adequado nas situações em que as correlações apresentam a mesma magnitude em intervalos de idade de mesma dimensão, por exemplo, correlações iguais entre as colheitas 1 e 2 e entre as colheitas 2 e 3. Entretanto, o modelo Toeplitz é mais parametrizado do que o ARH. Mas em

geral, com a estabilização do caráter, a correlação entre as idades 2 e 3 tende a ser maior que a correlação entre as colheitas 1 e 2, e portanto, o modelo SAD parece ser mais coerente pois contempla isso.

Em resumo, com correção para heterogeneidade de variâncias, a estrutura CS pode ser aplicada com sucesso, a menos que haja uma grande heterogeneidade das correlações entre as colheitas. Nesse caso, as estruturas ARH, SAD e Toeplitz podem ser aplicadas com vantagens, embora esses modelos sejam mais parametrizados (critérios como o AIC e BIC podem ser usados para verificar se essa maior parametrização é compensadora). Modelos muito parametrizados apresentam um alto custo em termos de consumo de graus de liberdade. Isso conduz a menor número de graus de liberdade para estimar cada componente de variância e, portanto, conduzem a estimativas menos precisas, fato que pode comprometer as previsões baseadas nesses modelos. No entanto, se o caráter é o mesmo de uma colheita para outra, espera-se correlações mais homogêneas entre colheitas e portanto, grande utilidade do modelo CS.

O modelo CS ou modelo completo de repetibilidade associado ao delineamento experimental de blocos ao acaso com uma observação por parcela é dado por $Y_{ijk} = \mu + g_i + b_j + m_k + gb_{ij} + gm_{ik} + bm_{jk} + gbm_{ijk}$, em que μ é o efeito da média geral, g_i é o efeito do genótipo i , b_j é o efeito do bloco j , m_k é o efeito da medição ou colheita k , gm_{ik} é o efeito da interação genótipos x medições, bm_{jk} é o efeito da interação blocos x medições, gb_{ij} é o efeito da interação genótipos x blocos e gbm_{ijk} é a interação tripla ou resíduo aleatório. Os efeitos gb_{ij} referem-se aos efeitos de parcela, os quais são efeitos de ambiente permanente de uma colheita para outra.

Esse modelo difere consideravelmente do modelo apresentado no tópico 4.2 para a análise da interação genótipo x ambiente, dado por $Y_{ijk} = \mu + g_i + b_{j/k} + l_k + gl_{ik} + e_{ijk}$, em que μ é o efeito da média geral, g_i é o efeito do genótipo i , $b_{j/k}$ é o efeito do bloco j dentro do local k , l_k é o efeito do local k , gl_{ik} é o efeito da interação genótipos x locais e e_{ijk} é o erro ou resíduo aleatório. Embora colheita possa ser tomada como ambiente, não há casualização dos blocos e genótipos nas diferentes colheitas, ou seja, não há casualização das parcelas. Isto porque os blocos não são hierárquicos em relação às colheitas, como o são em relação aos locais. Na presente situação, blocos e colheitas apresentam classificação cruzada e portanto existe o efeito bm_{jk} . Também, os efeitos permanentes de parcela (gb_{ij}) não são contemplados no modelo da análise conjunta de locais. Portanto, os modelos são completamente diferentes. Este tem sido um erro comum em vários artigos com plantas perenes, em que as colheitas são assumidas como ambientes e o modelo do tópico 5.2.1 (com blocos hierárquicos a ambientes) utilizado erroneamente. A inclusão dos efeitos permanentes de parcelas é essencial para considerar e eliminar os efeitos da correlação residual entre medidas repetidas.

Considerando os efeitos ambientais de blocos (b), medições (m) e interação blocos x medições como fixos (pois são efeitos ambientais para os quais os dados devem ser corrigidos) no modelo completo de repetibilidade ou CS apresentado acima, os mesmos podem ser ajustados somados a média geral, em um único vetor de efeitos fixos (b) dado pela combinação bloco-medição. Assim, o modelo linear misto resultante equivale a $Y_{ijk} = \beta_{jk} + g_i + gm_{ik} + gb_{ij} + gbm_{ijk}$. Esse modelo foi implementado nos modelos 55 (blocos ao acaso) e 78 (látice) do Selegen e são ótimos quando os dados são corrigidos previamente quanto à heterogeneidade de variâncias e quando as correlações entre pares de colheitas não são muito discrepantes.

Desdobrando este modelo em termos de efeitos permanentes (p) e temporários (t) tem-se

$y = \beta + g_p + g_t + p_p + p_t$, em que:

$g_i = g_p$: efeito de genótipo, permanente através das colheitas.

$gm_{ik} = g_t$: efeito de genótipo, temporário em cada colheita.

$gb_{ij} = p_p$: efeito de parcela, permanente através das colheitas.

$gbm_{ijk} = p_t$: efeito de parcela, temporário em cada colheita.

Em termos de variâncias destes efeitos tem-se:

$\sigma_{gp}^2 = \sigma_g^2$: variância genotípica ou covariância dos efeitos genotípicos através das colheitas; é a covariância genotípica colheitas das safras em um modelo multivariado (estrutura UN).

$\sigma_{gt}^2 = \sigma_{gm}^2$: variância da interação genótipos x medições.

$\sigma_{pp}^2 = \sigma_{gb}^2$: variância dos efeitos permanentes de parcela ou covariância dos efeitos de parcela através das colheitas em um modelo multivariado.

$\sigma_{pt}^2 = \sigma_{gbm}^2$: variância dos efeitos temporários de parcela ou da interação parcelas x medições.

Verifica-se que tal modelo é bastante próximo ao modelo multivariado (estrutura UN para os efeitos genotípicos contemplando simultaneamente os efeitos g_i e gm_{ik} e estrutura UN para os efeitos de parcela ou residuais contemplando simultaneamente os efeitos gb_{ij} e gbm_{ijk}), desde que haja homogeneidade de variâncias. Esse modelo completo de repetibilidade é também denominado modelo de repetibilidade + interação genótipos x medições ou modelo com estrutura CS. Assumindo que a correlação genotípica através das medições aproxima 1 (ou seja, assumindo que o caráter é o mesmo de uma colheita para outra), o modelo se reduz a $y = \beta + g_p + p_p + p_t = \beta + g + gb + gbm$, o qual é denominado modelo simplificado de repetibilidade ou modelo de repetibilidade.

Os experimentos em blocos completos ou incompletos associados a medidas repetidas em várias colheitas, com avaliações realizadas ao nível de totais ou de médias por parcelas em cada safra (gerando uma só observação por parcela em cada colheita), podem ser analisados pelos seguintes modelos do Selegen (para materiais genéticos não aparentados):

- § Ausência de Delineamento ou Ignorando a Estrutura Experimental: Modelo 63.
- § Delineamento em Blocos Completos: Modelos 28 e 29.
- § Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelo 70.
- § Delineamento em Blocos Aumentados com Testemunha de Efeito Aleatório: 70.
- § Delineamento em Blocos Aumentados com Testemunha de Efeito Fixo: 68.
- § Análise de Estabilidade e Adaptabilidade Temporal sob Modelos Mistos com Interação Genótipo x Safras pelo Método MHPRVG.

- Blocos Completos e uma Observação por Parcela: Modelo 55.
- Blocos Incompletos e uma Observação por Parcela: Modelo 78.

No Selegen Windows, os modelos 63, 28, 29, 70, 68, 55 e 78 podem ser encontrados na caixa “Repetibilidade e Dados Longitudinais” da tela principal.

Outra forma simplificada e eficiente de análise de medidas repetidas é trabalhar com dados médios das várias colheitas por indivíduo ou parcela e realizar a análise comum sem medidas repetidas utilizando os modelos descritos no tópico 4.1. Esta análise é perfeita em termos dos valores genéticos preditos, desde que o mesmo número de medições tenha sido praticado em todos os indivíduos ou parcelas. Entretanto, os resultados não são tão informativos quanto aqueles das análises descritas nesse tópico, pois não haverá informação sobre a repetibilidade e interação genótipos x medições.

4.3.1 Modelo Básico de Repetibilidade sem Delineamento (Modelo 63)

Esse modelo pode ser usado quando são tomados dados repetidos em plantas individuais sem o uso de delineamentos experimentais. Pode também ser usado quando se trabalha com médias de genótipos avaliados em experimentos.

Modelo Estatístico

$y = X_m + W_p + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos de medição (assumidos como fixos) somados à média geral, p é o vetor dos efeitos permanentes de plantas (efeitos genotípicos + efeitos de ambiente permanente) (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Indivíduo Medição Um Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições.

Observações	Indivíduo	Medição	Um	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	2	1	12.4	0.25
3	2	1	1	8.5	0.14
4	2	2	1	5.2	0.34

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vfp: variância fenotípica permanente entre plantas (genotípica + ambiental permanente de uma colheita para outra).

Vet: variância de ambiente temporário.

Vf: variância fenotípica individual.

$r = h^2$: repetibilidade individual.

rm: repetibilidade da média de m colheitas ou medidas repetidas.

Acm: acurácia da seleção baseada na média de m colheita ou medidas repetidas.

Média geral do experimento.

Eficiência do uso de m medidas

Os resultados a seguir referem-se à determinação e acurácia obtidos com a realização de m medidas repetidas. É também apresentada a eficiência da realização de m medidas em comparação com a situação em que se usa apenas uma medição.

m	Determinação	Acurácia	Eficiência
1	0.141122	0.375662	1.000000
2	0.247338	0.497331	1.323881
3	0.330175	0.574609	1.529591
4	0.396586	0.629751	1.676378
5	0.451016	0.671577	1.787718
6	0.496439	0.704584	1.875582
7	0.534919	0.731382	1.946917
8	0.567936	0.753615	2.006102
9	0.596576	0.772383	2.056062
10	0.621655	0.788451	2.098834

Valores Genotípicos

2. Componentes de Média (BLUP Individual)

Seleção Indivíduos

Ordem	Indivíduos	fp	u+fp	Ganho	Nova Média
1	133	0.5971	5.2399	0.5971	5.2399
2	123	0.4810	5.1238	0.5390	5.1819
3	119	0.3556	4.9985	0.4779	5.1207
4	122	0.3345	4.9773	0.4420	5.0849
5	124	0.3033	4.9462	0.4143	5.0571

em que: fp = efeito fenotípico permanente.

u + fp = valor fenotípico permanente.

4.3.2 Delineamento em Blocos Completos (Modelos 28 e 29)

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_g + W_p + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para os efeitos de repetições, medição e interação repetições x medições. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Genótipo Med-Repetição Parcela Repetição Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições com 2 medições por parcela (medições 1 e 2 na repetição 1 e medições 3 e 4 na repetição 2).

Observações	Genótipo	Med-Repet	Parcela	Repetição	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	12	1	8.5	0.14
3	1	2	11	1	8.6	0.54
4	2	2	12	1	8.7	0.94
5	1	3	21	2	12.4	0.25
6	2	3	22	2	5.2	0.34
7	1	4	21	2	5.3	0.74
8	2	4	22	2	5.4	0.11

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-genótipo. Assim, o código 12 representa repetição 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando A2&C2, quando se tem a codificação de repetições na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo parcelas de 1 a 4. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vperm: variância de ambiente permanente.

Ve: variância residual temporária.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

r: repetibilidade ao nível de parcela, dada por $(Vg + Vperm)/Vf$.

$c2perm = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.

$h2mg$: herdabilidade de médias de genótipos.

Acgen: acurácia na seleção de genótipos.

Média geral do experimento.

Eficiência do uso de m medidas ou colheitas

São apresentados resultados referentes à herdabilidade de médias, determinação e acurácia da predição de valores genotípicos, obtidos com a realização de m medidas repetidas. É também apresentada a eficiência da realização de m medidas em comparação com a situação em que se usa apenas uma medição.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

4.3.3 Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice (Modelo 70)

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_g + W_b + T_p + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), p é vetor

dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para os efeitos de repetições, medição e interação repetições x medições. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições. No vetor m , pode-se, alternativamente, contemplar-se apenas as medições. Neste caso, os efeitos de repetição são automaticamente redistribuídos como efeitos aleatórios confundidos nos efeitos de blocos. De maneira geral, não há prejuízo com esse tipo de abordagem.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Genótipo Med/Repetição Bloco Parcela Repetição Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 medições e 2 blocos em cada um de 2 repetições (medições 1 e 2 na repetição 1 e medições 3 e 4 na repetição 2).

Observações	Genótipo	Med/Rep	Bloco	Parcela	Repetição	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	1	12	1	8.5	0.14
3	3	1	2	13	1	8.6	0.54
4	4	1	2	14	1	1.6	2.40
5	1	2	1	11	1	10.4	0.35
6	2	2	1	12	1	8.7	0.14
7	3	2	2	13	1	8.8	0.54
8	4	2	2	14	1	1.7	2.50
9	1	3	3	21	2	10.5	0.35
10	2	3	3	22	2	8.9	0.14
11	3	3	4	23	2	8.1	0.54
12	4	3	4	24	2	1.8	2.60
13	1	4	3	21	2	10.6	0.35
14	2	4	3	22	2	8.1	0.14
15	3	4	4	23	2	8.2	0.54
16	4	4	4	24	2	1.9	2.70

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-genótipo. Assim, o código 12 representa repetição 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando B2&F2, quando se tem a codificação de repetições na coluna B e de genótipos na coluna F. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo, parcelas de 1 a 8. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vbloc: variância ambiental permanente entre blocos.

Vperm: variância de ambiente permanente entre parcelas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

r: repetibilidade de parcelas individuais, dada por $(Vg + Vperm + Vbloc)/Vf$.

$c2bloc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

$c2perm = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

4.3.4 Delineamento em Blocos Aumentados com Testemunha de Efeito Aleatório (Modelo 70)

Para experimentos no delineamento em blocos aumentados com medidas repetidas o Selegen permite considerar as duas opções de análise: testemunha como efeito aleatório (modelo 70) e testemunha como efeito fixo (modelo 68). Em tais delineamentos os blocos são incompletos no que concerne aos tratamentos principais. Assim, o caso com testemunha de efeito aleatório pode ser analisado pelo modelo 70. Nesse caso, ajusta-se os efeitos de medição na coluna de medição-repetição, a qual deve ser preenchida com os códigos de medições.

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_g + W_b + T_p + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos assumidos como fixos (medições), g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos ambientais de blocos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados**Observações Genótipo Medição Bloco Parcela Obs/Parc Variáveis**

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos e 2 testemunhas em 2 blocos em 2 medições.

Observações	Genótipo	Medição	Bloco	Parcela	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	1	12	1	8.5	0.14
3	3	1	2	23	1	8.6	0.54
4	4	1	2	24	1	1.6	2.40
5	T1	1	1	1T1	1	10.4	0.35
6	T2	1	1	1T2	1	8.7	0.14
7	T1	1	2	2T1	1	8.8	0.54
8	T2	1	2	2T2	1	1.7	2.50
9	1	2	1	11	1	10.5	0.35
10	2	2	1	12	1	8.9	0.14
11	3	2	2	23	1	8.1	0.54
12	4	2	2	24	1	1.8	2.60
13	T1	2	1	1T1	1	10.6	0.35
14	T2	2	1	1T2	1	8.1	0.14
15	T1	2	2	2T1	1	8.2	0.54
16	T2	2	2	2T2	1	1.9	2.70

A coluna Parcela ou Permanente deve codificar combinações genótipos-blocos. Assim, o código 12 representa bloco 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando D2&B2, quando se tem a codificação de blocos originais na coluna D e de genótipos na coluna B. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo parcelas de 1 a 8. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados**Componentes de Variância****1. Componentes de Variância (REML Individual)**

Vg: variância genotípica.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vperm: variância de ambiente permanente.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

r : repetibilidade de parcelas individuais.

$c2bloc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

$c2perm = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

4.3.5 Delineamento em Blocos Aumentados com Testemunha de Efeito Fixo (Modelo 68)

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_g + W_b + T_p + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos assumidos como fixos (médias de testemunhas e média da população de tratamentos principais em cada medição), g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos ambientais de blocos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Genótipo População-Testemunhas-Medição Bloco Parcela Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos e 2 testemunhas e 2 blocos em 2 medições.

Observações	Genótipo	Pop-Test-Med	Bloco	Parcela	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	1	12	1	8.5	0.14
3	3	1	2	23	1	8.6	0.54
4	4	1	2	24	1	1.6	2.40
5	T1	2	1	1T1	1	10.4	0.35
6	T2	3	1	1T2	1	8.7	0.14
7	T1	2	2	2T1	1	8.8	0.54
8	T2	3	2	2T2	1	1.7	2.50
9	1	4	1	11	1	10.5	0.35
10	2	4	1	12	1	8.9	0.14
11	3	4	2	23	1	8.1	0.54
12	4	4	2	24	1	1.8	2.60
13	T1	5	1	1T1	1	10.6	0.35
14	T2	6	1	1T2	1	8.1	0.14
15	T1	5	2	2T1	1	8.2	0.54
16	T2	6	2	2T2	1	1.9	2.70

A coluna Parcela ou Permanente deve codificar combinações genótipos-blocos. Assim, o código 12 representa bloco 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando D2&B2, quando se tem a codificação de blocos originais na coluna D e de genótipos na coluna B. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo parcelas de 1 a 8. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos não é seqüencial de uma medição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser os mesmos em cada medição.

Na coluna Pop-Test-Med a população dos tratamentos principais é preenchida com determinado dígito ou código em cada medição e as testemunhas são preenchidas com outros códigos em cada medição. No presente exemplo, codificou-se a população dos tratamentos principais na medição 1 com o número 1, a testemunha T1 na medição 1 com o número 2, T2 na medição 1 com o número 3, a população dos tratamentos principais na medição 2 com o número 4, a testemunha T1 na medição 2 com o número 5 e T2 na medição 2 com o número 6.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vperm: variância de ambiente permanente.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h^2g = h^2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

r: repetibilidade de parcelas individuais.

$c^2_{\text{bloc}} = c^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

$c^2_{\text{perm}} = c^2_1$: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.

Média geral do experimento.

No caso do modelo 68, a média geral apresentada equivale à média das médias das testemunhas e da população de tratamentos principais em todas as medições. Esses valores isolados e por medição são apresentados logo abaixo da média geral.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

4.3.6 Delineamento em Blocos Completos com Estabilidade e Adaptabilidade Temporal – Método MHPRVG: Modelos 55.

Essa situação refere-se a uma extensão do modelo 28 ou 29, com a inclusão da interação genótipos x medições.

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_g + W_p + T_i + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para os efeitos de repetições, medição e interação repetições x medições. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Medição Observações Genótipo Med/Repetição Parcela Interação Repetição Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições com 2 medições por parcela (medições 1 e 2 na repetição 1 e medições 3 e 4 na repetição 2).

edição	Observações	Genótipo	Med/Repet	Parcela	Interação	Repetição	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	11	1	10.3	0.35
1	2	2	1	12	12	1	8.5	0.14
2	3	1	2	11	21	1	8.6	0.54
2	4	2	2	12	22	1	8.7	0.94
1	5	1	3	21	11	2	12.4	0.25
1	6	2	3	22	12	2	5.2	0.34
2	7	1	4	21	21	2	5.3	0.74
2	8	2	4	22	22	2	5.4	0.11

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-genótipo. Assim, o código 12 representa repetição 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando G2&C2, quando se tem a codificação de repetições na coluna G e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo parcelas de 1 a 4. A coluna interação é uma combinação das colunas medição e genótipo. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vperm: variância de ambiente permanente.

Vgm: variância da interação genótipos x medições.

Ve: variância residual temporária.

Vf: variância fenotípica individual.

h2g = h2: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

r: repetibilidade ao nível de parcela, dada por $(Vg + Vperm)/Vf$.

c2perm = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.

c2gm = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições.

rgmed: correlação genotípica através da medições.

h2mg: herdabilidade da média de genótipos.

Acgen: acurácia na seleção de genótipos.

Média geral do experimento.

Eficiência do uso de m medidas ou colheitas

São apresentados resultados referentes à herdabilidade de médias, determinação e acurácia da predição de valores genotípicos, obtidos com a realização de m medidas repetidas. É também apresentada a eficiência da realização de m medidas em comparação com a situação em que se usa apenas uma medição.

Valores Genotípicos

2. Componentes de Média (BLUP Individual)

Seleção de Genótipos - Todas Safras

Ordem	Genótipo	g	u+g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
1	9	0.0385	0,2179	0.0385	0,2179	0,2402
2	7	0.0316	0,2111	0.0351	0,2145	0,2327
3	18	0.0191	0,1985	0.0297	0,2092	0,2188
4	1	0.0164	0,1959	0.0264	0,2058	0,2159
5	19	0.0128	0,1923	0.0237	0,2031	0,2119

Esses resultados são referentes aos efeitos (g) e valores (u + g) genotípicos preditos, livres de toda interação com ambientes (safras, no caso). A quantidade (u + g + gem) refere-se ao valor genotípico médio nos vários ambientes e capitaliza uma interação média com todos os ambientes avaliados.

Seleção de Genótipos por Safra

Safra	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova Média
1	1	9	0.0485	0.2508	0.0485	0.2508
	2	7	0.0365	0.2387	0.0425	0.2447
	3	2	0.0250	0.2272	0.0367	0.2389
	4	18	0.0207	0.2229	0.0327	0.2349
	5	1	0.0185	0.2207	0.0298	0.2321
1	1	15	0.0056	0.1839	0.0056	0.1839
	2	8	0.0055	0.1838	0.0056	0.1838
	3	7	0.0051	0.1834	0.0054	0.1837
	4	3	0.0051	0.1833	0.0053	0.1836
	5	18	0.0044	0.1826	0.0051	0.1834

Nessa seção são apresentados os valores genotípicos preditos para cada safra (u + g + ge), ou seja, os valores genotípicos capitalizando a interação com as safras.

Estabilidade de Valores Genéticos (MHVG)

Ordem	Genótipo	MHVG
1	5	0.2176
2	9	0.2098
3	7	0.2074
4	18	0.2008
5	1	0.1991

Estes resultados são referentes à estabilidade genotípica pelo método da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), conforme Resende (2002; 2004). No contexto dos modelos mistos, este é um método para ordenamento de genótipos simultaneamente por seus valores genéticos (produtividade) e estabilidade e refere-se a um procedimento BLUP sob médias harmônicas. Quanto menor for o desvio padrão do comportamento genotípico através das safras, maior será a média harmônica de seus valores genotípicos através das safras. Assim, a seleção pelos maiores valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) implica simultaneamente seleção para produtividade e estabilidade.

Adaptabilidade de Valores Genéticos (PRVG)

Ordem	Genótipo	PRVG	PRVG*MG
1	9	1.1258	0.2020
2	7	1.1045	0.1982
3	5	1.0760	0.1931
4	18	1.0634	0.1908
5	1	1.0545	0.1892

Tais resultados são referentes à adaptabilidade genotípica pelo método da performance relativa dos valores genotípicos preditos (PRVG) através dos ambientes. Neste caso, os valores genotípicos preditos são expressos como proporção da média geral de cada safra e, posteriormente, obtém-se o valor médio desta proporção através das safras. Genericamente, a performance relativa tem sido usada há longo tempo em termos de dados fenotípicos e, nesses termos, constitui a base do método de Annicchiarico (1992). A quantidade PRVG*MG refere-se à performance genotípica relativa média multiplicada pela média geral de todas as safras. Fornece, portanto, o valor genotípico médio, capitalizando a adaptabilidade.

Estabilidade e Adaptabilidade de Valores Genéticos (MHPRVG)

Ordem	Genótipo	MHPRVG	PRVG*MG
1	9	1.1142	0.1999
2	7	1.0993	0.1973
3	5	1.0760	0.1931
4	18	1.0620	0.1906
5	1	1.0532	0.1890

A seção imediatamente acima refere-se a uma medida simultânea da produtividade, estabilidade e adaptabilidade pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG). Tal método é similar ao método de Linn e Binns (1988), porém no contexto genotípico e não no contexto fenotípico. A quantidade MHPRVG*MG refere-se à MHPRVG multiplicada pela média geral de todas as safras. Fornece, portanto, o valor genotípico médio penalizado pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade.

Interação ge

Interação	ge
11	0.0020
12	0.0177
21	-0.0028
22	0.0008
23	0.0028

Os efeitos ge equivalem à interação entre genótipos e ambientes. O código 12 refere-se ao efeito da safra 1 sobre o genótipo 2, como desvio em relação à média geral e livre dos demais efeitos tais quais g, dentre outros. No caso, o efeito 12 é positivo no sentido de aumentar a performance do genótipo 2 no ambiente 1.

Média das Safras

Safra	Média
1	0,2022
2	0.1782
3	0.1578

4.3.7 Delineamento em Blocos Incompletos com Estabilidade e Adaptabilidade Temporal – Método MHPRVG: Modelo 78.

Essa situação refere-se a uma extensão do modelo 70, com a inclusão da interação genótipos x medições.

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_g + W_b + T_i + Q_p + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições, p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para os efeitos de repetições, medição e interação repetições x medições. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições. No vetor m , pode-se, alternativamente, contemplar-se apenas as medições. Neste caso, os efeitos de repetições são automaticamente redistribuídos como efeitos aleatórios confundidos nos efeitos de blocos. De maneira geral, não há prejuízo com esse tipo de abordagem.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Medição Observações Genótipo Med/Repetição Bloco Interação Parcela Repetição Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 medições e 2 blocos em cada um de 2 repetições (medições 1 e 2 na repetição 1 e medições 3 e 4 na repetição 2).

Medição	Observações	Genótipo	Med/Repet	Bloco	Interação	Parcela	Repetição	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	11	1	10.3	0.35
1	2	2	1	1	12	12	1	8.5	0.14
1	3	3	1	2	13	13	1	8.6	0.54
1	4	4	1	2	14	14	1	1.6	2.40
2	5	1	2	1	21	11	1	10.4	0.35
2	6	2	2	1	22	12	1	8.7	0.14
2	7	3	2	2	23	13	1	8.8	0.54
2	8	4	2	2	24	14	1	1.7	2.50
1	9	1	3	3	11	21	2	10.5	0.35
1	10	2	3	3	12	22	2	8.9	0.14
1	11	3	3	4	13	23	2	8.1	0.54
1	12	4	3	4	14	24	2	1.8	2.60
2	13	1	4	3	21	21	2	10.6	0.35
2	14	2	4	3	22	22	2	8.1	0.14
2	15	3	4	4	23	23	2	8.2	0.54
2	16	4	4	4	24	24	2	1.9	2.70

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-genótipo. Assim, o código 12 representa repetição 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando H2&C2, quando se tem a codificação de repetições na coluna H e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo, parcelas de 1 a 8. A coluna interação é uma combinação das colunas medição-genótipo. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vgm: variância da interação genótipos x medições.

Vperm: variância de ambiente permanente.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

r: repetibilidade de parcelas individuais, dada por $(Vg + Vperm + Vbloc)/Vf$.

$c2bloc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

$c2gm = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições.

$c2perm = c22$: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.

rgmed: correlação genotípica através das medições.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.3.6 são igualmente válidos.

4.4 Avaliação em Vários Locais e em Várias Colheitas (Culturas Perenes)

A avaliação de genótipos em vários locais e em várias colheitas ou safras em plantas perenes gera dados com simultânea dependência através dos locais e do tempo. Estruturas de covariância para modelar este tipo de base de dados não são facilmente encontradas. Isto porque, em geral, nesse

caso as correlações entre medidas repetidas dentro de locais são de alta magnitude, mas as correlações entre medidas através dos locais podem ser de baixa magnitude, fato que dificulta a modelagem do fator tratamentos. Assim sendo, as estruturas ARH, SAD e Toeplitz mencionadas no tópico 4.3 não são adequadas. A estrutura FMM mostrou-se adequada nesse caso, embora tenha havido dificuldade de convergência no processo iterativo envolvido na análise, em alguns casos (Resende e Thompson, 2003; 2004).

Assim, estruturas do tipo simetria composta (CS) com correção para heterogeneidade de variâncias (propiciando resultados semelhantes aos obtidos pela estrutura simetria composta com variâncias heterogêneas - CSH) podem ser aplicadas de maneira satisfatória.

O modelo CS ou modelo simultâneo de repetibilidade, herdabilidade, interação genótipos x locais, interação genótipos x colheitas e interação tripla, associado ao delineamento experimental de blocos ao acaso com uma observação por parcela é dado por

$Y_{ijkn} = \mu + g_i + b_{j/n} + m_k + l_n + gb_{ij/n} + gm_{ik} + gl_{in} + bm_{jk/n} + ml_{kn} + gml_{ikn} + gbml_{ijk/n}$, em que μ é o efeito da média geral, g_i é o efeito do genótipo i , $b_{j/n}$ é o efeito do bloco j dentro do local n , m_k é o efeito da medição ou colheita k , l_n é o efeito do local n , gm_{ik} é o efeito da interação genótipos x medições, gl_{in} é o efeito da interação genótipos x locais, $bm_{jk/n}$ é o efeito da interação blocos x medições dentro de locais, $gb_{ij/n}$ é o efeito da interação genótipos x blocos dentro de locais, ml_{kn} é o efeito da interação medições x locais, gml_{ikn} é a interação tripla genótipos x medições x locais, $gbml_{ijk/n}$ é o resíduo aleatório. Os efeitos gb_{ij} referem-se aos efeitos de parcela/locais, os quais são efeitos de ambiente permanente de uma colheita para outra. Os efeitos gl_{in} também são efeitos de ambiente permanente de uma colheita para outra.

Esse modelo difere consideravelmente do modelo (implementado como modelo 114 no Selegen-Reml/Blup utilizado em culturas anuais, para a análise envolvendo a avaliação de genótipos em vários locais e anos de plantio, dado por $Y_{ijkn} = \mu + g_i + b_{j/k/n} + a_k + l_n + ga_{ik} + gl_{in} + al_{kn} + gal_{ikn} + gbal_{ijk/n}$, em que μ é o efeito da média geral, g_i é o efeito do genótipo i , $b_{j/k/n}$ é o efeito do bloco j dentro do ano k dentro do local n , l_n é o efeito do local n , a_k é o efeito do ano de plantio k , gl_{in} é o efeito da interação genótipos x locais, ga_{ik} é o efeito da interação genótipos x anos de plantio, al_{kn} é o efeito da interação locais x anos de plantio, gal_{ikn} é o efeito da interação genótipos x anos x locais, e $gbal_{ijk/n}$ é o erro ou resíduo aleatório. Embora colheita possa ser tomada como anos, não há casualização dos blocos e genótipos nas diferentes colheitas, ou seja, não há casualização das parcelas. Isto porque os blocos não são hierárquicos em relação às colheitas, como o são em relação aos anos de plantio. Na presente situação, blocos e colheitas apresentam classificação cruzada dentro de locais e portanto existe o efeito $bm_{jk/n}$. Também, os efeitos permanentes de parcela dentro de locais ($gb_{ij/n}$) não são contemplados no modelo da análise conjunta de locais e anos de plantio. Portanto, os modelos são completamente diferentes. Este tem sido um erro comum em vários artigos com plantas perenes, em que as colheitas são assumidas como anos de plantio e o modelo para análise envolvendo a avaliação de genótipos em vários locais e anos de plantio (com blocos hierárquicos a anos de plantio) utilizado erroneamente. A inclusão dos efeitos permanentes de parcelas dentro de locais é essencial para considerar e eliminar os efeitos da correlação residual entre medidas repetidas.

Considerando os efeitos ambientais de blocos dentro de locais (b), medições (m), locais (l) e as interações blocos x medições dentro de locais e locais x medições como efeitos fixos (pois são efeitos ambientais para os quais os dados devem ser corrigidos) no modelo completo de repetibilidade ou CS

apresentado acima, os mesmos podem ser ajustados somados a média geral, em um único vetor de efeitos fixos (b) dado pela combinação bloco-medição-local. Assim, o modelo linear misto resultante equivale a $Y_{ijkn} = \beta_{jkn} + g_i + gm_{ik} + gl_{in} + gb_{ij/n} + gml_{ijn} + gbm_{ijk/n}$. Esse modelo CS foi implementado no modelo 155 software Selegen-Reml/Blup.

Desdobrando este modelo em termos de efeitos permanentes (p) e temporários (t) tem-se $y = \beta + g_p + g_t + g_{pn} + p_p + g_m + p_t$, em que:

$g_i = g_p$: efeito de genótipo, permanente através das colheitas e locais.

$gm_{ik} = g_t$: efeito de genótipo, temporário em cada colheita.

$gl_{in} = g_{pn}$: efeito de genótipo, permanente através das colheitas em cada local mas não permanente através dos locais.

$gml_{ikn} = g_m$: efeito de genótipo, temporário em cada colheita e não permanente através dos locais, ou seja, peculiar a cada safra e local.

$gb_{ij/n} = p_p$: efeito de parcela dentro de locais, permanente através das colheitas.

$gbm_{ijk/n} = p_t$: efeito de parcela dentro de locais, temporário em cada colheita.

Em termos de variâncias destes efeitos tem-se: $\sigma_{gp}^2 = \sigma_g^2$: variância genotípica ou covariância dos efeitos genotípicos através das colheitas e locais; é a covariância genotípica através das colheitas e locais em um modelo multivariado (estrutura UN).

$\sigma_{gt}^2 = \sigma_{gm}^2$: variância da interação genótipos x medição.

$\sigma_{gpn}^2 = \sigma_{gl}^2$: variância da interação genótipos x locais.

$\sigma_{gm}^2 = \sigma_{gml}^2$: variância da interação genótipos x medições x locais.

$\sigma_{pp}^2 = \sigma_{gb}^2$: variância dos efeitos permanentes de parcela dentro de locais ou covariância dos efeitos de parcela dentro de locais através das colheitas.

$\sigma_{pt}^2 = \sigma_{gbm}^2$: variância dos efeitos temporários de parcela ou da interação parcela dentro de locais x medição.

Assumindo que a correlação genotípica através das medições aproxima 1 (ou seja, assumindo que o caráter é o mesmo de uma colheita para outra), o modelo se reduz a $Y_{ijkn} = \beta_{jkn} + g_i + gl_{in} + gb_{ij/n} + gbm_{ijk/n} = \beta + g_p + g_{pn} + p_p + p_t$, o qual é denominado modelo de repetibilidade e interação genótipo x locais. Modelos desse tipo foram implementados nos modelos 69, 71, 151 e 152 do software Selegen-Reml/Blup.

Os experimentos em blocos completos, incompletos ou aumentados, instalados em vários locais e com avaliações realizadas em várias safras ao nível de totais ou de médias por parcelas por safra (gerando uma só observação por parcela por colheita), podem ser analisados pelos seguintes modelos do Selegen (para materiais genéticos não aparentados).

§ Modelos de repetibilidade e interação genótipos x ambientes:

§ Delineamento em Blocos Completos: Modelo 69.

§ Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelo 71.

§ Análise de Estabilidade e Adaptabilidade sob Modelos Mistos pelo Método MHPRVG através de locais.

- Blocos Completos: Modelo 151.

- Blocos Incompletos: Modelo 152.

- Blocos Aumentados – Testemunha de Efeito Aleatório: Modelo 152.

- Blocos Aumentados – Testemunha de Efeito Fixo: Modelo 153.

§ Modelo CS completo:

- Blocos Completos (Modelo 155)

No Selegen Windows, os modelos 69 e 71 podem ser encontrados na caixa “Repetibilidade e Dados Longitudinais” da tela principal. Os modelos 151, 152, 153 e 155 podem ser encontrados na caixa “Produtividade, Estabilidade e Adaptabilidade”.

4.4.1 Delineamento em Blocos Completos, Vários Locais e Várias Colheitas (Modelo 69)

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_g + W_i + T_p + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição-local (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições nos vários locais e ajusta simultaneamente para todos esses efeitos e suas interações. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições e locais. Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e locais como aleatórios pode-se empregar o modelo 71.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Genótipo Med/Rep/Loc Interação Parcela Repetição Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 medições e 2 repetições em 2 locais (medições 1 e 2 na repetição 1 do local 1, medições 3 e 4 na repetição 2 do local 1, medições 5 e 6 na repetição 1 do local 2, medições 7 e 8 na repetição 2 do local 2).

Observações	Genótipo	Med/Rep/Loc	Interação	Parcela	Repetição	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	11	1	10.3	0.35
2	2	1	12	12	1	8.5	0.14
3	1	2	11	11	1	8.6	0.54
4	2	2	12	12	1	1.6	2.40
5	1	3	11	21	2	10.4	0.35
6	2	3	12	22	2	8.7	0.14
7	1	4	11	21	2	8.8	0.54
8	2	4	12	22	2	1.7	2.50
9	1	5	21	31	3	10.5	0.35
10	2	5	22	32	3	8.9	0.14
11	1	6	21	31	3	8.1	0.54
12	2	6	22	32	3	1.8	2.60
13	1	7	21	41	4	10.6	0.35
14	2	7	22	42	4	8.1	0.14
15	1	8	21	41	4	8.2	0.54
16	2	8	22	42	4	1.9	2.70

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-genótipo. Assim, o código 12 representa repetição 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando F2&B2, quando se tem a codificação seqüencial de repetições na coluna F e de genótipos na coluna B. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo, parcelas de 1 a 8. A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vint: variância da interação genótipos x locais.

Vperm: variância de ambiente permanente entre parcelas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h^2g = h^2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

r: repetibilidade de parcelas individuais.

$c^2_{int} = c^2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais.

$c^2_{perm} = c^2_1$: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes de parcela.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

4.4.2 Delineamento em Blocos Incompletos, Vários Locais e Várias Colheitas (Modelo 71)

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_g + W_b + Q_p + T_i + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição-local (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e locais e ajusta simultaneamente para todos esses efeitos e suas interações. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições e locais. No vetor m , pode-se, alternativamente, contemplar-se apenas as medições. Neste caso, os efeitos de repetição e locais são automaticamente redistribuídos como efeitos aleatórios confundidos nos efeitos de blocos. De maneira geral, não há prejuízo com esse tipo de abordagem.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Genótipo Med/Rep/Loc Bloco Parcela Interação Repetição Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 medições e 4 blocos em cada uma de 2 repetições em 2 locais (medições 1 e 2 na repetição 1 do local 1, medições 3 e 4 na repetição 2 do local 1, medições 5 e 6 na repetição 1 do local 2, medições 7 e 8 na repetição 2 do local 2).

Observações	Genótipo	Med/Repet	Bloco	Parcela	Interação	Repetição	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	11	1	10.3	0.35
2	2	1	1	12	12	1	8.5	0.14
3	3	1	2	13	13	1	8.6	0.54
4	4	1	2	14	14	1	1.6	2.40
5	1	2	3	11	11	1	10.4	0.35
6	2	2	3	12	12	1	8.7	0.14
7	3	2	4	13	13	1	8.8	0.54
8	4	2	4	14	14	1	1.7	2.50
9	1	3	5	21	11	2	10.5	0.35
10	2	3	5	22	12	2	8.9	0.14
11	3	3	6	23	13	2	8.1	0.54
12	4	3	6	24	14	2	1.8	2.60
13	1	4	7	21	11	2	10.6	0.35
14	2	4	7	22	12	2	8.1	0.14
15	3	4	8	23	13	2	8.2	0.54
16	4	4	8	24	14	2	1.9	2.70
17	1	5	9	31	21	3	10.3	0.35
18	2	5	9	32	22	3	8.5	0.14
19	3	5	10	33	23	3	8.6	0.54
20	4	5	10	34	24	3	1.6	2.40
21	1	6	11	31	21	3	10.4	0.35
22	2	6	11	32	22	3	8.7	0.14
23	3	6	12	33	23	3	8.8	0.54
24	4	6	12	34	24	3	1.7	2.50
25	1	7	13	41	21	4	10.5	0.35
26	2	7	13	42	22	4	8.9	0.14
27	3	7	14	43	23	4	8.1	0.54
28	4	7	14	44	24	4	1.8	2.60
29	1	8	15	41	21	4	10.6	0.35
30	2	8	15	42	22	4	8.1	0.14
31	3	8	16	43	23	4	8.2	0.54
32	4	8	16	44	24	4	1.9	2.70

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-genótipo. Assim, o código 12 representa repetição 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando G2&B2, quando se tem a codificação de repetições na coluna G e de genótipos na coluna B. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo, parcelas de 1 a 16. A coluna interação é uma combinação das colunas local-genótipo. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local (combinação bloco-repetição-local).

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vperm: variância de ambiente permanente.

Vint: variância da interação genótipos x locais.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

r: repetibilidade individual.

$c2bloc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

$c2perm = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.

$c2int = c22$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x locais.

rgloc: correlação genotípica através dos locais.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

4.4.3 Delineamento em Blocos Completos com Estabilidade e Adaptabilidade – Método MHPRVG: Modelo 151

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_g + T_p + W_i + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição-local (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições nos vários locais e ajusta simultaneamente para todos esses efeitos e suas interações. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições e locais.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Local Observações Genótipo Med/Rep/Loc Parcela Interação Repetição Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 medições e 2 repetições em 2 locais (medições 1 e 2 na repetição 1 do local 1, medições 3 e 4 na repetição 2 do local 1, medições 5 e 6 na repetição 1 do local 2, medições 7 e 8 na repetição 2 do local 2).

Local	Observações	Genótipo	Med/Rep/Loc	Parcela	Interação	Repetição	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	11	1	10.3	0.35
1	2	2	1	12	12	1	8.5	0.14
1	3	1	2	11	11	1	8.6	0.54
1	4	2	2	12	12	1	1.6	2.40
1	5	1	3	21	11	2	10.4	0.35
1	6	2	3	22	12	2	8.7	0.14
1	7	1	4	21	11	2	8.8	0.54
1	8	2	4	22	12	2	1.7	2.50
2	9	1	5	31	21	3	10.5	0.35
2	10	2	5	32	22	3	8.9	0.14
2	11	1	6	31	21	3	8.1	0.54
2	12	2	6	32	22	3	1.8	2.60
2	13	1	7	41	21	4	10.6	0.35
2	14	2	7	42	22	4	8.1	0.14
2	15	1	8	41	21	4	8.2	0.54
2	16	2	8	42	22	4	1.9	2.70

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-genótipo. Assim, o código 12 representa repetição 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando G2&C2, quando se tem a codificação seqüencial de repetições na coluna G e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo, parcelas de 1 a 8. A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vperm: variância de ambiente permanente.

Vint: variância da interação genótipos x locais.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2g = h2: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

r: repetibilidade de parcelas individuais.

c2perm = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.

c2int = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais.

h2mg: herdabilidade da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

Acgen: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.2.3 são igualmente válidos.

4.4.4 Delineamento em Blocos Incompletos com Estabilidade e Adaptabilidade – Método MHPRVG: Modelo 152.

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_g + Q_p + T_i + W_b + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição-local (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais, b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e locais e ajusta simultaneamente para todos esses efeitos e suas interações. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições. No vetor m , pode-se, alternativamente, contemplar-se apenas as medições. Neste caso, os efeitos de repetição são automaticamente redistribuídos como efeitos aleatórios confundidos nos efeitos de blocos. De maneira geral, não há prejuízo com esse tipo de abordagem.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Local Observações Genótipo Med/Rep/Loc Parcela Interação Bloco Repetição Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 medições e 2 blocos em cada uma de 2 repetições em 2 locais (medições 1 e 2 na repetição 1 do local 1, medições 3 e 4 na repetição 2 do local 1, medições 5 e 6 na repetição 1 do local 2, medições 7 e 8 na repetição 2 do local 2).

Local	Observações	Genótipo	Med/Rep/Loc	Parcela	Interação	Bloco	Repetição	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	11	1	1	10.3	0.35
1	2	2	1	12	12	1	1	8.5	0.14
1	3	3	1	13	13	2	1	8.6	0.54
1	4	4	1	14	14	2	1	1.6	2.40
1	5	1	2	11	11	1	1	10.4	0.35
1	6	2	2	12	12	1	1	8.7	0.14
1	7	3	2	13	13	2	1	8.8	0.54
1	8	4	2	14	14	2	1	1.7	2.50
1	9	1	3	21	11	3	2	10.5	0.35
1	10	2	3	22	12	3	2	8.9	0.14
1	11	3	3	23	13	4	2	8.1	0.54
1	12	4	3	24	14	4	2	1.8	2.60
1	13	1	4	21	11	3	2	10.6	0.35
1	14	2	4	22	12	3	2	8.1	0.14
1	15	3	4	23	13	4	2	8.2	0.54
1	16	4	4	24	14	4	2	1.9	2.70
2	17	1	5	31	21	5	3	10.3	0.35
2	18	2	5	32	22	5	3	8.5	0.14
2	19	3	5	33	23	6	3	8.6	0.54
2	20	4	5	34	24	6	3	1.6	2.40
2	21	1	6	31	21	5	3	10.4	0.35
2	22	2	6	32	22	5	3	8.7	0.14
2	23	3	6	33	23	6	3	8.8	0.54
2	24	4	6	34	24	6	3	1.7	2.50
2	25	1	7	41	21	7	4	10.5	0.35
2	26	2	7	42	22	7	4	8.9	0.14
2	27	3	7	43	23	8	4	8.1	0.54
2	28	4	7	44	24	8	4	1.8	2.60
2	29	1	8	41	21	7	4	10.6	0.35
2	30	2	8	42	22	7	4	8.1	0.14
2	31	3	8	43	23	8	4	8.2	0.54
2	32	4	8	44	24	8	4	1.9	2.70

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-genótipo. Assim, o código 12 representa repetição 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando H2&C2, quando se tem a codificação de repetições na coluna H e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo, parcelas de 1 a 16. A coluna interação é uma combinação das colunas local-genótipo. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local (combinação bloco-repetição-local).

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vperm: variância de ambiente permanente.

Vint: variância da interação genótipos x locais.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2g = h2: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

h2mg: herdabilidade ajustada da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

Acgen: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

r: repetibilidade individual.

c2perm = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.

c2int = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais.

c2bloc = c22: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

rgloc: correlação genotípica através dos locais.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.2.3 são igualmente válidos.

4.4.5 Delineamento em Blocos Aumentados com Testemunhas de Efeito Aleatório - Estabilidade e Adaptabilidade pelo Método MHPRVG: Modelo 152

Nesta situação, o modelo 152 pode ser usado e as testemunhas serão consideradas como pertencentes à mesma população dos tratamentos em avaliação.

4.4.6 Delineamento em Blocos Aumentados com Testemunhas de Efeito Fixo - Estabilidade e Adaptabilidade pelo Método MHPRVG: Modelo 153

Modelo Estatístico

$y = Xt + Zg + Qp + Ti + Wb + e$, em que y é o vetor de dados, t é o vetor dos efeitos das testemunhas e da população dos tratamentos regulares em cada medição e local (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais, b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor t contempla todas as testemunhas e a população dos tratamentos regulares em todas as medições e locais. Desejando-se ajustar os efeitos de locais e de medições como aleatórios basta preencher a coluna População-Testemunha somente com os códigos das testemunhas e da população principal, ou seja, os mesmos códigos para todas as medições e locais. Neste caso, os efeitos de medições e locais serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos onde serão ajustadas combinações bloco-medição-local, codificadas na coluna de blocos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Assumindo-se os efeitos de medições e de locais como aleatórios e embutidos nos efeitos das combinações bloco-medição-local tem-se a seguinte configuração do arquivo de dados.

Local Observações Genótipo Pop-Test Parcela Interação Bloco Med-Loc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 6 genótipos (4 tratamentos e 2 testemunhas) em 2 medições e 2 blocos em cada um de 2 locais (medições 1 e 2 no local 1, medições 3 e 4 no local 2).

Local	Observações	Genótipo	Pop-Test	Parcela	Interação	Bloco	Med-Loc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	1	1	0.35	10.3
1	2	T1	T1	2	1T1	1	1	0.14	8.5
1	3	2	1	3	12	1	1	0.54	8.6
1	4	T2	T2	4	1T2	1	1	2.40	1.6
1	5	3	1	5	13	2	1	0.35	10.4
1	6	T1	T1	6	1T1	2	1	0.14	8.7
1	7	4	1	7	14	2	1	0.54	8.8
1	8	T2	T2	8	1T2	2	1	2.50	1.7
1	9	1	1	1	11	3	2	0.35	10.5
1	10	T1	T1	2	1T1	3	2	0.14	8.9
1	11	2	1	3	12	3	2	0.54	8.1
1	12	T2	T2	4	1T2	3	2	2.60	1.8
1	13	3	1	5	13	4	2	0.35	10.6
1	14	T1	T1	6	1T1	4	2	0.14	8.1
1	15	4	1	7	14	4	2	0.54	8.2
1	16	T2	T2	8	1T2	4	2	2.70	1.9
2	17	1	1	9	21	5	3	0.35	10.3
2	18	T1	T1	10	2T1	5	3	0.14	8.5
2	19	2	1	11	22	5	3	0.54	8.6
2	20	T2	T2	12	2T2	5	3	2.40	1.6
2	21	3	1	13	23	6	3	0.35	10.4
2	22	T1	T1	14	2T1	6	3	0.14	8.7
2	23	4	1	15	24	6	3	0.54	8.8
2	24	T2	T2	16	2T2	6	3	2.50	1.7
2	25	1	1	9	21	7	4	0.35	10.5
2	26	T1	T1	10	2T1	7	4	0.14	8.9
2	27	2	1	11	22	7	4	0.54	8.1
2	28	T2	T2	12	2T2	7	4	2.60	1.8
2	29	3	1	13	23	8	4	0.35	10.6
2	30	T1	T1	14	2T1	8	4	0.14	8.1
2	31	4	1	15	24	8	4	0.54	8.2
2	32	T2	T2	16	2T2	8	4	2.70	1.9

Na coluna Pop-Test, a população dos tratamentos principais é preenchida com determinado dígito ou código e as testemunhas são preenchidas com outros códigos. No presente exemplo, codificou-se a população dos tratamentos principais com o número 1 e as testemunhas T1 e T2 com seus respectivos códigos.

A coluna Parcela deve apresentar os mesmos códigos de uma medição para a outra, mas diferentes códigos de um local para outro. A coluna interação é uma combinação das colunas local-genótipo. A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma medição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada medição e local (combinação medição-bloco-local).

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vperm: variância de ambiente permanente.

Vint: variância da interação genótipos x locais.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$h2mg$: herdabilidade ajustada da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa

r: repetibilidade individual.

Acgen: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

$c2perm = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.

$c2int = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x locais.

$c2bloc = c22$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

rgloc: correlação genotípica através dos locais.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

A média geral apresentada refere-se à média da população dos tratamentos regulares, desde que a primeira linha do arquivo de dados não seja referente a alguma testemunha.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.2.3 são igualmente válidos.

4.4.7 Delineamento em Blocos Completos: Modelo CS ou Modelo Simultâneo de Repetibilidade, Herdabilidade, Interação Genótipos x Locais, Interação Genótipos x Colheitas e Interação Tripla (Modelo 155)

Modelo Estatístico

$y = Xf + Zg + Qgl + Tgm + Wgml + Sp + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos das combinações repetição-local-medição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), gl é vetor dos efeitos da interação de genótipos com locais (aleatórios), gm é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições, gml é o vetor dos efeitos da interação tripla genótipos x locais x medições (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos permanentes de parcela dentro de locais (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os efeitos ambientais de blocos dentro de locais (b), medições (m), locais (l) e as interações blocos x medições dentro de locais e locais x medições são considerados como efeitos fixos em um único vetor de efeitos fixos (f) dado pela combinação bloco-medição-local.

Modelos reduzidos podem também ser ajustados empregando-se o modelo 155 bastando para isso declarar os parâmetros c_2 iguais a zero, progressivamente. Pode-se então testar a significância de tais efeitos suprimidos, fazendo-se a análise de deviance via LRT, conforme descrito no tópico 3.2, usando os arquivos de resultados com extensão `.dev` exibidos pelo Selegen-Reml/Blup.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

**Local Observações Genótipo Medição-Repetição-Local Gen-Med Gen-Loc Gen-Loc-Med Parcela
Medição Variáveis**

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições em cada um de 2 locais, com 2 medições ou colheitas em cada parcela. Os códigos Med-Rep-Loc 1 e 2 referem-se à medição 1 nas repetições 1 e 2 do local 1, os códigos Med-Rep-Loc 3 e 4 referem-se à medição 2 nas repetições 1 e 2 do local 1, os códigos Med-Rep-Loc 5 e 6 referem-se à medição 1 nas repetições 1 e 2 do local 2, os códigos Med-Rep-Loc 7 e 8 referem-se à medição 2 nas repetições 1 e 2 do local 2.

Local	Observações	Genótipo	Med-Rep-Loc	Gen-Med	Gen-Loc	Gen-Loc-Med	Parc	Medição	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	11	111	1	1	10.3	0.35
1	2	2	1	21	21	211	2	1	8.5	0.14
1	3	1	2	11	11	111	3	1	8.6	0.54
1	4	2	2	21	21	211	4	1	1.6	2.40
1	5	1	3	12	11	112	1	2	10.4	0.35
1	6	2	3	22	21	212	2	2	8.7	0.14
1	7	1	4	12	11	112	3	2	8.8	0.54
1	8	2	4	22	21	212	4	2	1.7	2.50
2	9	1	5	11	12	121	5	1	10.5	0.35
2	10	2	5	21	22	221	6	1	8.9	0.14
2	11	1	6	11	12	121	7	1	8.1	0.54
2	12	2	6	21	22	221	8	1	1.8	2.60
2	13	1	7	12	12	122	5	2	10.6	0.35
2	14	2	7	22	22	222	6	2	8.1	0.14
2	15	1	8	12	12	122	7	2	8.2	0.54
2	16	2	8	22	22	222	8	2	1.9	2.70

Todas as colunas podem ser facilmente montadas fazendo-se as combinações entre os códigos dos efeitos de genótipos, de locais e de colheitas. A coluna Medição-Repetição-Local é obtida fazendo-se a numeração seqüencial das medições através das repetições e dos locais. A coluna parcela refere-se a combinações genótipo-repetição-local.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vgm: variância da interação genótipos x medições.

Vgl: variância da interação genótipos x locais.

Vglm: variância da interação genótipos x locais x medições.

Vperm: variância dos efeitos permanentes de parcela.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$h2mg$ = herdabilidade no sentido amplo da média de genótipos.

Acgen = acurácia da seleção de genótipos.

$c2gl = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais.

$c2gm = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições.

$c2glm = c22$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais x medições.

$c2perm = c24$: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes de parcela;

r: repetibilidade individual.

rgl: correlação genotípica através dos locais, válida para qualquer medição.

rgm: correlação genotípica através das medições, válida para qualquer local.

rgl_m: correlação genotípica através dos locais, em uma dada colheita ou medição.

rgm_l: correlação genotípica através das medições, em um dado local.

rgl_mm: correlação genotípica através dos locais, para a média de todas as colheitas ou medições.

rgm_ml: correlação genotípica através das medições, para a média de todos os locais.

rglocm: correlação genotípica através dos locais e medições.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos

Os comentários apresentados no item 4.2.3 são igualmente válidos.

4.5 Avaliação em Vários Locais e em Vários Anos (Culturas Anuais)

Em culturas anuais é comum a realização de experimentação envolvendo vários locais e anos de cultivo. Uma análise completa desses ensaios pode ser realizada adotando-se o modelo 114, o qual considera os três efeitos principais (genótipos, locais e anos), bem como suas interações. Adicionalmente fornece medidas de estabilidade e adaptabilidade dos genótipos ao longo dos ambientes (locais e anos). Modelos reduzidos podem também ser ajustados empregando-se os modelos 115 (modelo sem ajuste para a interação tripla) ou 54 (modelo sem ajuste para a interação tripla e sem ajuste para a

interação genótipos x anos). Também, no próprio modelo 114 podem ser obtidas essas análises reduzidas, bastando para isso declarar o parâmetro $c22 = 0$ para se obter análise idêntica à obtida pelo modelo 115 e $c21 = c22 = 0$ para se obter análise idêntica à obtida pelo modelo 54. Fazendo-se essas declarações pode-se também testar a significância de tais efeitos fazendo-se a análise de deviance via LRT, conforme descrito no tópico 3.2.

No Selegen Windows, os modelos 114 e 115 podem ser encontrados na caixa “Interação com Locais e Anos” da tela principal.

4.5.1 Delineamento em Blocos Completos com Interação Tripla e Estabilidade e Adaptabilidade – Método MHPRVG: Modelo 114

Modelo Estatístico

$y = Xf + Zg + Qa + Ti + Wt + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos das combinações repetição-local-ano (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), a é vetor dos efeitos da interação de genótipos com anos (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais, t é o vetor dos efeitos da interação tripla genótipos x locais x anos (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Esse modelo é equivalente ao utilizado tradicionalmente para a análise envolvendo a avaliação de genótipos em vários locais e anos de plantio, dado por

$Y_{ijkn} = \mu + g_i + b_{j/k/n} + a_k + l_n + ga_{ik} + gl_{in} + al_{kn} + gal_{ikn} + gbal_{ij/k/n}$, em que μ é o efeito da média geral, g_i é o efeito do genótipo i , $b_{j/k/n}$ é o efeito do bloco j dentro do ano k dentro do local n , l_n é o efeito do local n , a_k é o efeito do ano de plantio k , gl_{in} é o efeito da interação genótipos x locais, ga_{ik} é o efeito da interação genótipos x anos de plantio, al_{kn} é o efeito da interação locais x anos de plantio, gal_{ikn} é o efeito da interação genótipos x anos x locais, e $gbal_{ij/k/n}$ é o erro ou resíduo aleatório. No caso, os efeitos de anos, locais e blocos/anos/locais foram agrupados no efeito f .

O vetor f contempla os efeitos de repetições dentro de locais dentro de anos, de locais, de anos e interação locais x anos. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes locais e anos. Se houver interesse em se ajustar as combinações repetição-local-ano como efeitos aleatórios pode-se empregar o modelo genérico número 125, encontrado na caixa “Modelos Genéricos” do Selegen Windows. Neste caso, pode-se ajustar apenas a média geral como efeito fixo (coluna de uns).

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Local Observações Genótipo Repetição-Local-Ano Gen-Ano Gen-Loc Gen-Loc-Ano Ano Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições em cada um de 2 locais e 2 anos.

Local	Observações	Genótipo	Rep-Loc- Ano	Gen- Ano	Gen-Loc	Gen-Loc- Ano	Ano	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	11	111	1	10.3	0.35
1	2	2	1	21	21	211	1	8.5	0.14
1	3	1	2	11	11	111	1	8.6	0.54
1	4	2	2	21	21	211	1	1.6	2.40
1	5	1	3	12	11	112	2	10.4	0.35
1	6	2	3	22	21	212	2	8.7	0.14
1	7	1	4	12	11	112	2	8.8	0.54
1	8	2	4	22	21	212	2	1.7	2.50
2	9	1	5	11	12	121	1	10.5	0.35
2	10	2	5	21	22	221	1	8.9	0.14
2	11	1	6	11	12	121	1	8.1	0.54
2	12	2	6	21	22	221	1	1.8	2.60
2	13	1	7	12	12	122	2	10.6	0.35
2	14	2	7	22	22	222	2	8.1	0.14
2	15	1	8	12	12	122	2	8.2	0.54
2	16	2	8	22	22	222	2	1.9	2.70

Todas as colunas podem ser facilmente montadas fazendo-se as combinações entre os códigos dos efeitos de genótipos, de locais e de anos. A coluna Repetição-Local-Ano é obtida fazendo-se a numeração seqüencial das repetições através dos locais e anos.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vga: variância da interação genótipos x anos.

Vgl: variância da interação genótipos x locais.

Vgla: variância da interação genótipos x locais x anos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2g} = h₂: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c_{2ga} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x anos.

c_{2gl} = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais.

c_{2gla} = c₂₂: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais x anos.

rgl: correlação genotípica através dos locais, válida para qualquer ano.

rga: correlação genotípica através dos anos, válida para qualquer local.

rgl_a: correlação genotípica através dos locais, em um dado ano.

rga_l: correlação genotípica através dos anos, em um dado local.

rgl_ma: correlação genotípica através dos locais, para a média de todos os anos.

rga_ml: correlação genotípica através dos anos, para a média de todos os locais.

rgla: correlação genotípica através dos locais e anos.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos

Os comentários apresentados no item 4.2.3 são igualmente válidos.

4.5.2 Delineamento em Blocos Completos sem Interação Tripla e Estabilidade e Adaptabilidade – Método MHPRVG: Modelo 115

Modelo Estatístico

$y = Xf + Zg + Qa + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos das combinações repetição-local-ano (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), a é vetor dos efeitos da interação de genótipos com anos (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Esse modelo pode ser aplicado quando a interação tripla é não significativa ou ignorada.

O vetor f contempla os efeitos de repetições dentro de locais dentro de anos, de locais, de anos e interação locais x anos. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes locais e anos. Se houver interesse em se ajustar as combinações repetição-local-ano como efeitos aleatórios pode-se empregar o modelo genérico número 124, encontrado na caixa “Modelos Genéricos” do Selegen Windows. Neste caso, pode-se ajustar apenas a média geral como efeito fixo (coluna de uns).

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Local Observações Genótipo Repetição-local-ano Gen-ano Gen-loc Ano Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições em cada um de 2 locais e 2 anos.

Local	Observações	Genótipo	Rep-Loc-Ano	Gen-Ano	Gen-Loc	Ano	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	11	1	10.3	0.35
1	2	2	1	21	21	1	8.5	0.14
1	3	1	2	11	11	1	8.6	0.54
1	4	2	2	21	21	1	1.6	2.40
1	5	1	3	12	11	2	10.4	0.35
1	6	2	3	22	21	2	8.7	0.14
1	7	1	4	12	11	2	8.8	0.54
1	8	2	4	22	21	2	1.7	2.50
2	9	1	5	11	12	1	10.5	0.35
2	10	2	5	21	22	1	8.9	0.14
2	11	1	6	11	12	1	8.1	0.54
2	12	2	6	21	22	1	1.8	2.60
2	13	1	7	12	12	2	10.6	0.35
2	14	2	7	22	22	2	8.1	0.14
2	15	1	8	12	12	2	8.2	0.54
2	16	2	8	22	22	2	1.9	2.70

Todas as colunas podem ser facilmente montadas fazendo-se as combinações entre os códigos dos efeitos de genótipos, de locais e de anos. A coluna Repetição-Local-Ano é obtida fazendo-se a numeração seqüencial das repetições através dos locais e anos.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vga: variância da interação genótipos x anos.

Vgl: variância da interação genótipos x locais.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2ga = c2: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x anos.
c2gl = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais.
h2mc: herdabilidade no sentido amplo ao nível de médias de genótipos.
Acclon: acurácia da seleção ao nível de médias de genótipos.
rgl: correlação genotípica através dos locais, válida para qualquer ano.
rga: correlação genotípica através dos anos, válida para qualquer local.
rgl_a: correlação genotípica através dos locais, em um dado ano.
rga_l: correlação genotípica através dos anos, em um dado local.
rgl_ma: correlação genotípica através dos locais, para a média de todos os anos.
rga_ml: correlação genotípica através dos anos, para a média de todos os locais.
rgla: correlação genotípica através dos locais e anos.
Média geral do experimento.

Valores Genotípicos

Os comentários apresentados no item 4.2.3 são igualmente válidos.

5 AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS (ACESSOS, CULTIVARES, CLONES, HÍBRIDOS, LINHAGENS E FAMÍLIAS) EM VÁRIAS REPETIÇÕES - VÁRIAS OBSERVAÇÕES POR PARCELA

5.1 Avaliação em um Local e em uma Colheita

Os experimentos podem ser instalados nos delineamentos em blocos completos, incompletos (látice, alfa, blocos aumentados), inteiramente ao acaso (DIC) e linha-coluna. A tomada de dados é realizada ao nível de indivíduos dentro de parcelas, gerando várias observações por parcela. Para materiais genéticos não aparentados ou mesmo aparentados porém ignorando-se o parentesco entre eles, os modelos do Selegen que podem ser usados nessa situação são:

- § Delineamento em Blocos Completos: Modelos 2 e 18.
- § Delineamento em Blocos Completos, com Tabela da Análise de Variância: Modelo 94.
- § Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelo 7.
- § Delineamento em Blocos Completos, Análise com Covariável: Modelo 127.
- § Delineamento Inteiramente ao Acaso: Modelo 81.
- § Delineamento em Linha-Coluna: Modelo 57.

Uma análise com covariável para o delineamento de blocos incompletos com várias plantas por parcela pode ser realizada empregando-se o modelo 128, porém ajustando blocos no lugar de interação. Maiores detalhes podem ser vistos na descrição do modelo 128.

No Selegen Windows, os modelos 2, 7, 18, 57 e 81 podem ser encontrados na caixa “Modelos Mistos: Delineamentos Experimentais/Materiais Genéticos/Ambientes” da tela principal. O modelo 94 pode ser encontrado na caixa “Análise de Variância/REML” e os modelos 127 e 128 podem ser encontrados na caixa “Modelos Mistos com Covariável”.

5.1.1 Blocos Completos (Modelos 2, 18 e 94)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela, e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se empregar o modelo 7, seguindo a seqüência de colunas de tais modelos e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genótipo Repetição Parcela Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições com 2 plantas por parcela.

Indivíduo	Genótipo	Repetição	Parcela	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	12.4	0.25
3	2	1	2	1	8.5	0.14
4	2	1	2	2	5.2	0.34
5	1	2	3	1	7.5	0.83
5	1	2	3	2	6.3	0.87
7	2	2	4	1	4.1	0.37
8	2	2	4	2	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$h2aj$: herdabilidade individual no sentido amplo, ajustada para os efeitos de parcelas.

$c2parc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$h2mc$: herdabilidade da média de genótipo, assumindo ausência de perda de parcelas.

Acclon: acurácia da seleção de genótipos, assumindo ausência de perda de parcelas.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

$CVr = CVg/CVe$ = coeficiente de variação relativa.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

5.1.2 Blocos Incompletos (Modelo 7)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + Wp + Tb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genótipo Repetição Parcela Bloco Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 repetições e 4 blocos, com 2 plantas por parcela.

Indivíduo	Genótipo	Repetição	Parcela	Bloco	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
3	1	1	1	1	2	8.5	0.14
5	2	1	2	1	1	8.6	0.54
7	2	1	2	1	2	8.7	0.94
2	3	1	3	2	1	12.4	0.25
4	3	1	3	2	2	5.2	0.34
6	4	1	4	2	1	5.3	0.74
8	4	1	4	2	2	5.4	0.11
9	1	2	5	3	1	12.3	0.55
10	1	2	5	3	2	8.5	0.14
11	2	2	6	3	1	7.6	0.64
12	2	2	6	3	2	8.7	0.74
13	3	2	7	4	1	10.4	0.25
14	3	2	7	4	2	5.2	0.34
15	4	2	8	4	1	5.3	0.54
16	4	2	8	4	2	3.4	0.13

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2_{\text{parc}} = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$c2_{\text{bloc}} = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

$h2_{\text{mc}}$: herdabilidade ajustada da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

Acclon: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

5.1.3 Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 127)

Modelo Estatístico

$y = Xr + \beta Cov + Zg + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos (assumidos como fixos) de repetição somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente β refere-se à regressão associada à covariável Cov. As letras romanas maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genótipo Repetição Parcela Obs/Parc Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições com 2 plantas por parcela e uma covariável.

Indivíduo	Genótipo	Repetição	Parcela	Obs/Parcela	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	0	12.4	0.25
3	2	1	2	1	2	8.5	0.14
4	2	1	2	2	3	5.2	0.34
5	1	2	3	1	3	7.5	0.83
5	1	2	3	2	2	6.3	0.87
7	2	2	4	1	3	4.1	0.37
8	2	2	4	2	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2g = h2: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

h2aj: herdabilidade individual no sentido amplo, ajustada para os efeitos de parcela.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

h2mc: herdabilidade da média de genótipo, assumindo ausência de perda de parcelas.

Acclon: acurácia da seleção de genótipos, assumindo ausência de perda de parcelas.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

5.1.4 Delineamento Inteiramente ao Acaso (DIC): Modelo 81

Modelo Estatístico

$y = Xu + Zg + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, u é o efeito da média geral (fixo), g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genótipo Média Parcela Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições com 2 plantas por parcela.

Indivíduo	Genótipo	Média	Parcela	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	12.4	0.25
3	2	1	2	1	8.5	0.14
4	2	1	2	2	5.2	0.34
5	1	1	3	1	7.5	0.83
5	1	1	3	2	6.3	0.87
7	2	1	4	1	4.1	0.37
8	2	1	4	2	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$h2aj$: herdabilidade individual no sentido amplo, ajustada para os efeitos de parcela.

$c2parc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

5.1.5 Delineamento Linha-Coluna: Modelo 57

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + Wp + Ql + Tc + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição somados à média geral (fixos), g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (assumidos como aleatórios), l é o vetor dos efeitos de linhas (assumidos como aleatórios), c é o vetor dos efeitos de coluna (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genótipo Repetição Parcela Linha Coluna Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 repetições, com 2 plantas por parcela.

Indivíduo	Genótipo	Repetição	Parcela	Linha	Coluna	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	1	2	8.5	0.14
3	2	1	2	1	2	1	8.6	0.54
4	2	1	2	2	2	2	1.6	2.40
5	3	1	3	1	3	1	10.4	0.35
6	3	1	3	2	3	2	8.7	0.14
7	4	1	4	1	4	1	8.8	0.54
8	4	1	4	2	4	2	1.7	2.50
9	1	2	5	3	1	1	10.5	0.35
10	1	2	5	4	1	2	8.9	0.14
11	2	2	6	3	2	1	8.1	0.54
12	2	2	6	4	2	2	1.8	2.60
13	3	2	7	3	3	1	10.6	0.35
14	3	2	7	4	3	2	8.1	0.14
15	4	2	8	3	4	1	8.7	0.56
16	4	2	8	4	4	1	8.2	0.54

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vlinha: variância entre linhas.

Vcoluna: variância entre colunas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$h2aj$: herdabilidade individual ajustada, no sentido amplo.

$c2parc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$c2linha = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos de linhas.

$c2coluna = c22$: coeficiente de determinação dos efeitos de colunas.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

5.2 Avaliação em Vários Locais e em uma Safra

Os experimentos em blocos completos ou incompletos, instalados em vários locais e com avaliações realizadas ao nível de Indivíduos dentro de parcelas (gerando várias observações por parcela), podem ser analisados pelos seguintes modelos do Selegen (para materiais genéticos não aparentados):

- § Delineamento em Blocos Completos: Modelo 3.
- § Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelo 12.
- § Delineamento em Blocos Completos, Análise com Covariável: Modelo 128.
- § Delineamento em Blocos Incompletos, Análise com Covariável: Modelo 129.
- § Análise de Estabilidade e Adaptabilidade sob Modelos Mistos pelo Método MHPRVG.
 - Blocos Completos e várias Observações por Parcela: Modelo 51.
 - Blocos Incompletos e várias Observações por Parcela: Modelo 53.

No Selegen Windows, os modelos 3 e 12 podem ser encontrados na caixa "Modelos Mistos: Delineamentos Experimentais/Materiais Genéticos/Ambientes" da tela principal. Os modelos 51 e 53 podem ser encontrados na caixa "Produtividade, Estabilidade e Adaptabilidade". Os modelos 128 e 129 podem ser encontrados na caixa "Modelos Mistos com Covariável".

5.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelo 3)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + Wp + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios pode-se empregar o modelo 12, seguindo a seqüência de colunas de tal modelo e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos nos vários locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de locais como fixos e os efeitos de repetições como aleatórios pode-se proceder conforme descrito no tópico 21.9.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genótipo Repetição Parcela Interação Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2), com 2 plantas por parcela.

Parcela	Genótipo	Repetição	Parcela	Interação	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	1	1	1	11	2	8.5	0.14
3	2	1	2	12	1	8.6	0.54
4	2	1	2	12	2	8.7	0.94
5	1	2	3	11	1	12.4	0.25
6	1	2	3	11	2	5.2	0.34
7	2	2	4	12	1	5.3	0.74
8	2	2	4	12	2	5.4	0.11
9	1	3	5	21	1	10.7	0.55
10	1	3	5	21	2	8.5	0.14
11	2	3	6	22	1	8.2	0.42
12	2	3	6	22	2	8.7	0.94
13	1	4	7	21	1	17.4	0.35
14	1	4	7	21	2	8.2	0.34
15	2	4	8	22	1	5.3	0.64
16	2	4	8	22	2	5.9	0.18

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2g = h2: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.

c2int = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

h2mc: herdabilidade da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

Acclon: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo sobrevivência completa.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

5.2.2 Blocos Incompletos em Vários Locais (Modelo 12)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + Wp + Qb + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios basta preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições e de locais serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genótipo Repetição Parcela Bloco Interação Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 repetições e 4 blocos em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2), com 2 plantas por parcela.

Indivíduo	Genótipo	Repetição	Parcela	Bloco	Interação	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	11	2	8.5	0.14
3	2	1	2	1	12	1	8.6	0.54
4	2	1	2	1	12	2	1.6	2.40
5	3	1	3	2	13	1	10.4	0.35
6	3	1	3	2	13	2	8.7	0.14
7	4	1	4	2	14	1	8.8	0.54
8	4	1	4	2	14	2	1.7	2.50
9	1	2	5	3	11	1	10.5	0.35
10	1	2	5	3	11	2	8.9	0.14
11	2	2	6	3	12	1	8.1	0.54
12	2	2	6	3	12	2	1.8	2.60
13	3	2	7	4	13	1	10.6	0.35
14	3	2	7	4	13	2	8.1	0.14
15	4	2	8	4	14	1	8.2	0.54
16	4	2	8	4	14	2	1.9	2.70
17	1	3	9	5	21	1	10.3	0.35
18	1	3	9	5	21	2	8.5	0.14
19	2	3	10	5	22	1	8.6	0.54
20	2	3	10	5	22	2	1.6	2.40
21	3	3	11	6	23	1	10.4	0.35
22	3	3	11	6	23	2	8.7	0.14
23	4	3	12	6	24	1	8.8	0.54
24	4	3	12	6	24	2	1.7	2.50
25	1	4	13	7	21	1	10.5	0.35
26	1	4	13	7	21	2	8.9	0.14
27	2	4	14	7	22	1	8.1	0.54
28	2	4	14	7	22	2	1.8	2.60
29	3	4	15	8	23	1	10.6	0.35
30	3	4	15	8	23	2	8.1	0.14
31	4	4	16	8	24	1	8.2	0.54
32	4	4	16	8	24	2	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2g} = h₂: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

h_{2mc}: herdabilidade ajustada da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

c_{2parc} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c_{2bloc} = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

c_{2int} = c₂₂: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

CV_{gi}%: coeficiente de variação genotípica.

CV_e%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

5.2.3 Blocos Completos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 128)

Modelo Estatístico

$y = Xr + \beta Cov + Zg + Wp + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos

da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente β refere-se à regressão associada à covariável Cov. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios pode-se empregar o modelo 129, seguindo a Seqüência de colunas de tal modelo e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos nos vários locais.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genótipo Repetição Parcela Interação Obs/Parc Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2), com 2 plantas por parcela e uma covariável.

Parcela	Genótipo	Repetição	Parcela	Interação	Obs/Parc	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	0	10.3	0.35
2	1	1	1	11	2	1	8.5	0.14
3	2	1	2	12	1	2	8.6	0.54
4	2	1	2	12	2	3	8.7	0.94
5	1	2	3	11	1	4	12.4	0.25
6	1	2	3	11	2	5	5.2	0.34
7	2	2	4	12	1	8	5.3	0.74
8	2	2	4	12	2	7	5.4	0.11
9	1	3	5	21	1	8	10.7	0.55
10	1	3	5	21	2	7	8.5	0.14
11	2	3	6	22	1	5	8.2	0.42
12	2	3	6	22	2	6	8.7	0.94
13	1	4	7	21	1	4	17.4	0.35
14	1	4	7	21	2	3	8.2	0.34
15	2	4	8	22	1	2	5.3	0.64
16	2	4	8	22	2	1	5.9	0.18

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2parc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.

$c2int = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

$h2mc$: herdabilidade da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

Acclon: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

5.2.4 Blocos Incompletos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 129)

Modelo Estatístico

$y = Xr + \beta Cov + Zg + Wp + Qb + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente β refere-se à regressão associada à covariável Cov. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios basta preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições e de locais serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genótipo Repetição Parcela Bloco Interação Obs/Parc Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 repetições e 4 blocos em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2), com 2 plantas por parcela e uma covariável.

Indivíduo	Genótipo	Repetição	Parcela	Bloco	Interação	Obs/Parc	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	1	0	10.3	0.35
2	1	1	1	1	11	2	1	8.5	0.14
3	2	1	2	1	12	1	2	8.6	0.54
4	2	1	2	1	12	2	3	1.6	2.40
5	3	1	3	2	13	1	4	10.4	0.35
6	3	1	3	2	13	2	5	8.7	0.14
7	4	1	4	2	14	1	8	8.8	0.54
8	4	1	4	2	14	2	7	1.7	2.50
9	1	2	5	3	11	1	8	10.5	0.35
10	1	2	5	3	11	2	7	8.9	0.14
11	2	2	6	3	12	1	5	8.1	0.54
12	2	2	6	3	12	2	6	1.8	2.60
13	3	2	7	4	13	1	4	10.6	0.35
14	3	2	7	4	13	2	3	8.1	0.14
15	4	2	8	4	14	1	2	8.2	0.54
16	4	2	8	4	14	2	1	1.9	2.70
17	1	3	9	5	21	1	0	10.3	0.35
18	1	3	9	5	21	2	1	8.5	0.14
19	2	3	10	5	22	1	2	8.6	0.54
20	2	3	10	5	22	2	3	1.6	2.40
21	3	3	11	6	23	1	4	10.4	0.35
22	3	3	11	6	23	2	5	8.7	0.14
23	4	3	12	6	24	1	8	8.8	0.54
24	4	3	12	6	24	2	7	1.7	2.50
25	1	4	13	7	21	1	8	10.5	0.35
26	1	4	13	7	21	2	7	8.9	0.14
27	2	4	14	7	22	1	5	8.1	0.54
28	2	4	14	7	22	2	6	1.8	2.60
29	3	4	15	8	23	1	4	10.6	0.35
30	3	4	15	8	23	2	3	8.1	0.14
31	4	4	16	8	24	1	2	8.2	0.54
32	4	4	16	8	24	2	1	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2parc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$c2bloc = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

$c2int = c22$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

5.2.5 Delineamento em Blocos Completos em Vários Locais e Várias Observações por Parcela – Método MHPRVG: Modelo 51

Essa situação refere-se a uma extensão do modelo 3.

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + Wp + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como

aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todos as repetições de todos os locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais. O vetor p contempla todas as parcelas de todos os locais. É essencial que as parcelas sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de locais como fixos e os efeitos de repetições como aleatórios pode-se proceder conforme descrito no tópico 21.10.

Local Indivíduo Genótipo Repetição Parcela Interação Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições e 4 parcelas em cada um de 2 locais.

Local	Indivíduo	Genótipo	Repetição	Parcela	Interação	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
1	2	1	1	1	11	2	8.5	0.14
1	3	2	1	2	12	1	8.6	0.54
1	4	2	1	2	12	2	1.6	2.40
1	5	1	2	3	11	1	10.4	0.35
1	6	1	2	3	11	2	8.7	0.14
1	7	2	2	4	12	1	8.8	0.54
1	8	2	2	4	12	2	1.7	2.50
2	9	1	3	5	21	1	10.5	0.35
2	10	1	3	5	21	2	8.9	0.14
2	11	2	3	6	22	1	8.1	0.54
2	12	2	3	6	22	2	1.8	2.60
2	13	1	4	7	21	1	10.6	0.35
2	14	1	4	7	21	2	8.1	0.14
2	15	2	4	8	22	1	8.2	0.54
2	16	2	4	8	22	2	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2parc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.

$c2int = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

$h2mg$: herdabilidade da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

Acgen: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos

Os comentários apresentados no item 4.2.3 são igualmente válidos.

5.2.6 Delineamento em Blocos Incompletos em Vários Locais e Várias Observações por Parcela – Método MHPRVG: Modelos 53

Essa situação refere-se a uma extensão do modelo 12.

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + Wp + Ti + Sb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Local Indivíduo Genótipo Repetição Parcela Interação Bloco Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 repetições com 2 plantas por parcela e 4 blocos em cada um de 2 locais.

Local	Indivíduo	Genótipo	Repetição	Parcela	Interação	Bloco	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	1	1	10.3	0.35
1	2	1	1	1	11	1	2	8.5	0.14
1	3	2	1	2	12	1	1	8.6	0.54
1	4	2	1	2	12	1	2	1.6	2.4
1	5	3	1	3	13	2	1	10.4	0.35
1	6	3	1	3	13	2	2	8.7	0.14
1	7	4	1	4	14	2	1	8.8	0.54
1	8	4	1	4	14	2	2	1.7	2.5
1	9	1	2	5	11	3	1	10.5	0.35
1	10	1	2	5	11	3	2	8.9	0.14
1	11	2	2	6	12	3	1	8.1	0.54
1	12	2	2	6	12	3	2	1.8	2.6
1	13	3	2	7	13	4	1	10.6	0.35
1	14	3	2	7	13	4	2	8.11	0.14
1	15	4	2	8	14	4	1	8.12	0.54
1	16	4	2	8	14	4	2	1.9	2.7
2	17	1	3	9	21	5	1	10.6	0.94
2	18	1	3	9	21	5	2	8.11	0.134
2	19	2	3	10	22	5	1	8.12	2.7
2	20	2	3	10	22	5	2	1.9	0.35
2	21	3	3	11	23	6	1	10.7	0.14
2	22	3	3	11	23	6	2	8.13	0.54
2	23	4	3	12	24	6	1	8.14	2.8
2	24	4	3	12	24	6	2	1.1	0.174
2	25	1	4	13	21	7	1	10.7	0.214
2	26	1	4	13	21	7	2	8.13	2.8
2	27	2	4	14	22	7	1	8.14	0.35
2	28	2	4	14	22	7	2	1.1	0.14
2	29	3	4	15	23	8	1	10.8	0.54
2	30	3	4	15	23	8	2	8.15	2.9
2	31	4	4	16	24	8	1	8.16	0.254
2	32	4	4	16	24	8	2	1.11	0.294

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local. O mesmo é dito em relação aos efeitos de parcela.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2parc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$c2int = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

$c2bloc = c22$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

$h2mg$: herdabilidade ajustada da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

Acgen: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos

Os comentários apresentados no item 4.2.3 são igualmente válidos.

5.3 Avaliação em um Local e em Várias Colheitas ou Safras (Culturas Perenes)

Os experimentos em blocos completos ou incompletos, associados a medidas repetidas em várias safras, com avaliações realizadas ao nível de indivíduos dentro de parcelas em cada safra

(gerando várias observações por parcela em cada safra), podem ser analisados pelos seguintes modelos do Selegen (para materiais genéticos não aparentados):

Delineamento em Blocos Completos: Modelos 9 e 27.

Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelo 66.

Análise de Estabilidade e Adaptabilidade Temporal sob Modelos Mistos com Interação Genótipo x Safras pelo Método MHPRVG

- Blocos Completos: Modelo 79

No Selegen Windows, os modelos 9, 27, 66 e 79 podem ser encontrados na caixa “Repetibilidade e Dados Longitudinais” da tela principal.

5.3.1 Delineamento em Blocos Completos (Modelo 9 e 27)

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_g + W_p + T_s + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), s é vetor dos efeitos de ambiente permanente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para os efeitos de repetições, medição e interação repetição x medição. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Genótipo Med-Repetição Parcela Indivíduo Medição Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições com 2 medições por indivíduo (medições 1 e 2 na repetição 1 e medições 3 e 4 na repetição 2), com 2 plantas por parcela e um total de 8 Indivíduos.

Observações	Genótipo	Med-Repet	Parcela	Indivíduo	Medição	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	2	1	1	2	8.5	0.14
3	1	1	1	2	1	8.6	0.54
4	1	2	1	2	2	8.7	0.94
5	2	1	2	3	1	12.4	0.25
6	2	2	2	3	2	5.2	0.34
7	2	1	2	4	1	5.3	0.74
8	2	2	2	4	2	5.4	0.11
9	1	3	3	5	1	11.3	0.45
10	1	4	3	5	2	8.5	0.17
11	1	3	3	6	1	3.6	0.54
12	1	4	3	6	2	8.7	0.94
13	2	3	4	7	1	11.4	0.35
14	2	4	4	7	2	5.2	0.34
15	2	3	4	8	1	7.3	0.94
16	2	4	4	8	2	3.4	0.21

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-genótipo. Assim, o código 12 representa repetição 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de repetições na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo parcelas de 1 a 4. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vperm: variância de ambiente permanente.

Ve: variância residual temporária.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

r: repetibilidade individual.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.

c2perm = c21: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

5.3.2 Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice (Modelo 66)

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_g + W_p + T_b + Q_s + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), s é vetor dos efeitos de ambiente permanente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para os efeitos de repetições, medição e interação repetições x medições. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições. No vetor m , pode-se, alternativamente, contemplar-se apenas as medições. Neste caso, os efeitos de repetições são automaticamente redistribuídos como efeitos aleatórios confundidos nos efeitos de blocos. De maneira geral, não há prejuízo com esse tipo de abordagem.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Genótipo Med-Repetição Parcela Bloco Indivíduo Medição Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 medições e 4 blocos em cada um de 2 repetições (medições 1 e 2 na repetição 1 e medições 3 e 4 na repetição 2), com 2 plantas por parcela e um total de 16 Indivíduos.

Observações	Genótipo	Med-Repet	Parcela	Bloco	Indivíduo	Medição	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	2	1	8.5	0.14
3	2	1	2	1	3	1	8.6	0.54
4	2	1	2	1	4	1	1.6	2.4
5	3	1	3	2	5	1	10.4	0.35
6	3	1	3	2	6	1	8.7	0.14
7	4	1	4	2	7	1	8.8	0.54
8	4	1	4	2	8	1	1.7	2.5
9	1	2	5	3	9	1	10.5	0.35
10	1	2	5	3	10	1	8.9	0.14
11	2	2	6	3	11	1	8.1	0.54
12	2	2	6	3	12	1	1.8	2.6
13	3	2	7	4	13	1	10.6	0.35
14	3	2	7	4	14	1	8.11	0.14
15	4	2	8	4	15	1	8.12	0.54
16	4	2	8	4	16	1	1.9	2.7
17	1	3	1	1	1	2	10.6	0.94
18	1	4	1	1	2	2	8.11	0.134
19	2	3	2	1	3	2	8.12	2.7
20	2	4	2	1	4	2	1.9	0.35
21	3	3	3	2	5	2	10.7	0.14
22	3	4	3	2	6	2	8.13	0.54
23	4	3	4	2	7	2	8.14	2.8
24	4	4	4	2	8	2	1.1	0.174
25	1	3	5	3	9	2	10.7	0.214
26	1	4	5	3	10	2	8.13	2.8
27	2	3	6	3	11	2	8.14	0.35
28	2	4	6	3	12	2	1.1	0.14
29	3	3	7	4	13	2	10.8	0.54
30	3	4	7	4	14	2	8.15	2.9
31	4	3	8	4	15	2	8.16	0.254
32	4	4	8	4	16	2	1.11	0.294

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-genótipo. Assim, o código 12 representa repetição 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de repetições na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo, parcelas de 1 a 8. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra mas não de uma medição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vperm: variância de ambiente permanente.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2g = h2: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

r: repetibilidade individual.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c2bloc = c21: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco.

c2perm = c22: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

5.3.3 Delineamento em Blocos Completos com Estabilidade e Adaptabilidade Temporal – Método MHPRVG: Modelo 79

Essa situação refere-se a uma extensão dos modelos 9 e 27, com a inclusão da interação genótipos x medições.

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_g + W_p + T_i + Q_s + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (assumidos como

aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições, s é vetor dos efeitos de ambiente permanente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para os efeitos de repetições, medição e interação repetições x medições. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Medição Observações Genótipo Med-Repetição Parcela Interação Indivíduo Repetição Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições com 2 medições por indivíduo (medições 1 e 2 na repetição 1 e medições 3 e 4 na repetição 2), com 2 plantas por parcela e um total de 8 Indivíduos.

Medição	Observações	Genótipo	Med-Repet	Parcela	GenMed	Indivíduo	Repetição	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	1	1	10.3	0.35
2	2	1	2	1	12	1	1	8.5	0.14
1	3	1	1	1	11	2	1	8.6	0.54
2	4	1	2	1	12	2	1	8.7	0.94
1	5	2	1	2	21	3	1	12.4	0.25
2	6	2	2	2	22	3	1	5.2	0.34
1	7	2	1	2	21	4	1	5.3	0.74
2	8	2	2	2	22	4	1	5.4	0.11
1	9	1	3	3	11	5	2	11.3	0.45
2	10	1	4	3	12	5	2	8.5	0.17
1	11	1	3	3	11	6	2	3.6	0.54
2	12	1	4	3	12	6	2	8.7	0.94
1	13	2	3	4	21	7	2	11.4	0.35
2	14	2	4	4	22	7	2	5.2	0.34
1	15	2	3	4	21	8	2	7.3	0.94
2	16	2	4	4	22	8	2	3.4	0.21

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-genótipo. Assim, o código 12 representa repetição 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de repetições na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo parcelas de 1 a 4.

A coluna Gen-Med refere-se à interação genótipo x medições e deve codificar combinações genótipo-medição. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vgm: variância da interação genótipos x medições.

Vperm: variância de ambiente permanente.

Ve: variância residual temporária.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

r: repetibilidade individual.

$c2parc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$c2gm = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições.

$c2perm = c22$: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.

rgmed: correlação genotípica através das medições.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.8.6 são igualmente válidos.

5.3.4 Delineamento em Blocos Completos: Medidas Repetidas via Modelo Fatorial Completo ou Estrutura de Simetria Composta (Modelo 116)

Modelo Estatístico

$y = Xf + Zg + Qgb + Tgm + Wgbm + Sp + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos das combinações repetição-medição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos de progênies (assumidos como aleatórios), gb é vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), gm é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições, gbm é o vetor dos efeitos da interação tripla genótipos x blocos x medições (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos permanentes de indivíduo dentro de parcela (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os efeitos ambientais de repetições (b), medições (m) e a interação repetições x medições são considerados como efeitos fixos em um único vetor de efeitos fixos (f) dado pela combinação repetição-medição.

Modelos reduzidos podem também ser ajustados empregando-se o modelo 116 bastando para isso declarar os parâmetros $c2$ iguais a zero, progressivamente. Pode-se então testar a significância de tais efeitos suprimidos, fazendo-se a análise de deviance via LRT, conforme descrito no tópico 3.2.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Genótipo Medição-Repetição Gen-Rep Gen-Med Gen-Rep-Med Indivíduo Medição Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições, com 2 plantas por parcela e 2 medições por indivíduo. Coluna Med-Rep: medições 1 e 2 na repetição 1 e medições 3 e 4 na repetição 2. Indivíduos 1 a 4 referem-se à primeira planta da parcela e indivíduo 5 a 8 referem-se à segunda planta da parcela.

Observações	Genótipo	Med-Rep	Gen-Rep	Gen-Med	Gen-Rep-Med	Perm	Med	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	11	111	1	1	10.3	0.35
2	2	1	21	21	211	2	1	8.5	0.14
3	1	2	11	12	112	1	2	8.6	0.54
4	2	2	21	22	212	2	2	1.6	2.40
5	1	3	12	11	121	3	1	10.4	0.35
6	2	3	22	21	221	4	1	8.7	0.14
7	1	4	12	12	122	3	2	8.8	0.54
8	2	4	22	22	222	4	2	1.7	2.50
9	1	1	11	11	111	1	1	10.5	0.35
10	2	1	21	21	211	2	1	8.9	0.14
11	1	2	11	12	112	1	2	8.1	0.54
12	2	2	21	22	212	2	2	1.8	2.60
13	1	3	12	11	121	3	1	10.6	0.35
14	2	3	22	21	221	4	1	8.1	0.14
15	1	4	12	12	122	3	2	8.2	0.54
16	2	4	22	22	222	4	2	1.9	2.70

Todas as colunas podem ser facilmente montadas fazendo-se as combinações entre os códigos dos efeitos de genótipos, de repetições e de colheitas. A coluna Medição-Repetição é obtida fazendo-se a numeração seqüencial das colheitas através das repetições. A coluna Gen-Rep refere-se a combinações genótipo-repetição. A coluna Gen-Med refere-se a combinações genótipo-medição. A coluna Gen-Rep-Med refere-se a combinações da coluna Gen-Rep com a coluna de medição.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vgb: variância entre parcelas.

Vgm: variância da interação genótipos x medições.

Vgbm: variância da interação genótipos x blocos x medições.

Vperm: variância dos efeitos permanentes de indivíduo dentro de parcela.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: coeficiente de determinação dos efeitos genotípicos de famílias.

$c2gb = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$c2gm = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições.

$c2gbm = c22$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x blocos x medições.

$c2perm = c24$: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes de parcela;

r: repetibilidade individual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

5.4 Avaliação em Vários Locais e em Várias Colheitas ou Safras (Culturas Perenes)

Os experimentos em blocos completos e incompletos, instalados em vários locais e com avaliações realizadas em várias safras ao nível de indivíduos dentro de parcelas por safra (gerando várias observações por parcela por safra), podem ser analisados pelos seguintes modelos do Selegen (para materiais genéticos não aparentados).

Delineamento em Blocos Completos: Modelo 64.

Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelo 72.

No Selegen Windows, os modelos 64 e 72 podem ser encontrados na caixa "Repetibilidade e Dados Longitudinais" da tela principal.

5.4.1 Delineamento em Blocos Completos, Vários Locais e Várias Safras (Modelo 64)

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_g + W_p + T_s + Q_i + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição-local (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), s é vetor dos efeitos de ambiente permanente (aleatórios) e i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais (assumidos como aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições nos vários locais e ajusta simultaneamente para todos esses efeitos e suas interações. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições e locais.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados**Observações Genótipos Med-Rep-Loc Parcela Indivíduo Interação Local Variáveis**

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 medições e 2 repetições em 2 locais (medições 1 e 2 na repetição 1 do local 1, medições 3 e 4 na repetição 2 do local 1, medições 5 e 6 na repetição 1 do local 2, medições 7 e 8 na repetição 2 do local 2), com 2 plantas por parcela e um total de 16 Indivíduos (1 a 8 referentes à primeira planta em cada parcela e 9 a 16 referentes à segunda planta na parcela).

Observações	Genótipos	Med-Rep-Loc	Parcela	Indivíduo	Interação	Local	Variável1	Variável2
1	1	1	11	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	12	2	12	1	8.5	0.14
3	1	2	11	1	11	1	8.6	0.54
4	2	2	12	2	12	1	1.6	2.40
5	1	3	21	3	11	1	10.4	0.35
6	2	3	22	4	12	1	8.7	0.14
7	1	4	21	3	11	1	8.8	0.54
8	2	4	22	4	12	1	1.7	2.50
9	1	5	31	5	21	2	10.5	0.35
10	2	5	32	6	22	2	8.9	0.14
11	1	6	31	5	21	2	8.1	0.54
12	2	6	32	6	22	2	1.8	2.60
13	1	7	41	7	21	2	10.6	0.35
14	2	7	42	8	22	2	8.1	0.14
15	1	8	41	7	21	2	8.2	0.54
16	2	8	42	8	22	2	1.9	2.70
17	1	1	11	9	11	1	10.3	0.35
18	2	1	12	10	12	1	8.5	0.14
19	1	2	11	9	11	1	8.6	0.54
20	2	2	12	10	12	1	1.6	2.40
21	1	3	21	11	11	1	10.4	0.35
22	2	3	22	12	12	1	8.7	0.14
23	1	4	21	11	11	1	8.8	0.54
24	2	4	22	12	12	1	1.7	2.50
25	1	5	31	13	21	2	10.5	0.35
26	2	5	32	14	22	2	8.9	0.14
27	1	6	31	13	21	2	8.1	0.54
28	2	6	32	14	22	2	1.8	2.60
29	1	7	41	15	21	2	10.6	0.35
30	2	7	42	16	22	2	8.1	0.14
31	1	8	41	15	21	2	8.2	0.54
32	2	8	42	16	22	2	1.9	2.70

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-genótipo. Assim, o código 12 representa repetição 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação seqüencial de repetições na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo, parcelas de 1 a 8. A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vperm: variância de ambiente permanente.

Vint: variância da interação genótipos x locais.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2g = h2: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

r: repetibilidade de parcelas individuais.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c2perm = c21: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.

c2int = c22: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais.

rgloc: correlação genotípica através dos locais.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

5.4.2 Delineamento em Blocos Incompletos, Vários Locais e Várias Safras (Modelo 72)

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_g + W_p + Q_s + T_i + S_b + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição-local (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), s é o vetor dos efeitos de ambiente permanente (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais (aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e locais e ajusta simultaneamente para todos esses efeitos e suas interações. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições e locais. No vetor m , pode-se, alternativamente, contemplar-se apenas as medições. Neste caso, os efeitos de repetição e locais são automaticamente redistribuídos como efeitos aleatórios confundidos nos efeitos de blocos. De maneira geral, não há prejuízo com esse tipo de abordagem.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Genótipo Med/Rep/Loc Parcela Indivíduo Interação Bloco Local Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 medições e 2 repetições com 2 blocos incompletos em cada repetição, em 2 locais (medições 1 e 2 na repetição 1 do local 1, medições 3 e 4 na repetição 2 do local 1, medições 5 e 6 na repetição 1 do local 2, medições 7 e 8 na repetição 2 do local 2), com 2 plantas por parcela e um total de 32 Indivíduos (1 a 16 referentes à primeira planta em cada parcela e 17 a 32 referentes à segunda planta na parcela).

Observações	Genótipo	Med/Rep/Loc	Parcela	Indiv	Interação	Bloco	Local	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	1	11	1	1	10.3	0.35
2	2	1	12	2	12	1	1	8.5	0.14
3	3	1	13	3	13	2	1	8.6	0.54
4	4	1	14	4	14	2	1	1.6	2.40
5	1	2	11	1	11	1	1	10.4	0.35
6	2	2	12	2	12	1	1	8.7	0.14
7	3	2	13	3	13	2	1	8.8	0.54
8	4	2	14	4	14	2	1	1.7	2.50
9	1	3	21	5	11	3	1	10.5	0.35
10	2	3	22	6	12	3	1	8.9	0.14
11	3	3	23	7	13	4	1	8.1	0.54
12	4	3	24	8	14	4	1	1.8	2.60
13	1	4	21	5	11	3	1	10.6	0.35
14	2	4	22	6	12	3	1	8.1	0.14
15	3	4	23	7	13	4	1	8.2	0.54
16	4	4	24	8	14	4	1	1.9	2.70
17	1	5	31	9	21	5	2	10.3	0.35
18	2	5	32	10	22	5	2	8.5	0.14
19	3	5	33	11	23	6	2	8.6	0.54
20	4	5	34	12	24	6	2	1.6	2.40
21	1	6	31	9	21	5	2	10.4	0.35
22	2	6	32	10	22	5	2	8.7	0.14

segue

conclusão

Observações	Genótipo	Med/Rep/Loc	Parcela	Indiv	Interação	Bloco	Local	Variável 1	Variável 2
23	3	6	33	11	23	6	2	8.8	0.54
24	4	6	34	12	24	6	2	1.7	2.50
25	1	7	41	13	21	7	2	10.5	0.35
26	2	7	42	14	22	7	2	8.9	0.14
27	3	7	43	15	23	8	2	8.1	0.54
28	4	7	44	16	24	8	2	1.8	2.60
29	1	8	41	13	21	7	2	10.6	0.35
30	2	8	42	14	22	7	2	8.1	0.14
31	3	8	43	15	23	8	2	8.2	0.54
32	4	8	44	16	24	8	2	1.9	2.70
33	1	1	11	17	11	1	1	10.3	0.35
34	2	1	12	18	12	1	1	8.5	0.14
35	3	1	13	19	13	2	1	8.6	0.54
36	4	1	14	20	14	2	1	1.6	2.40
37	1	2	11	17	11	1	1	10.4	0.35
38	2	2	12	18	12	1	1	8.7	0.14
39	3	2	13	19	13	2	1	8.8	0.54
40	4	2	14	20	14	2	1	1.7	2.50
41	1	3	21	21	11	3	1	10.5	0.35
42	2	3	22	22	12	3	1	8.9	0.14
43	3	3	23	23	13	4	1	8.1	0.54
44	4	3	24	24	14	4	1	1.8	2.60
45	1	4	21	21	11	3	1	10.6	0.35
46	2	4	22	22	12	3	1	8.1	0.14
47	3	4	23	23	13	4	1	8.2	0.54
48	4	4	24	24	14	4	1	1.9	2.70
49	1	5	31	25	21	5	2	10.3	0.35
50	2	5	32	26	22	5	2	8.5	0.14
51	3	5	33	27	23	6	2	8.6	0.54
52	4	5	34	28	24	6	2	1.6	2.40
53	1	6	31	25	21	5	2	10.4	0.35
54	2	6	32	26	22	5	2	8.7	0.14
55	3	6	33	27	23	6	2	8.8	0.54
56	4	6	34	28	24	6	2	1.7	2.50
57	1	7	41	29	21	7	2	10.5	0.35
58	2	7	42	30	22	7	2	8.9	0.14
59	3	7	43	31	23	8	2	8.1	0.54
60	4	7	44	32	24	8	2	1.8	2.60
61	1	8	41	29	21	7	2	10.6	0.35
62	2	8	42	30	22	7	2	8.1	0.14
63	3	8	43	31	23	8	2	8.2	0.54
64	4	8	44	32	24	8	2	1.9	2.70

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-genótipo. Assim, o código 12 representa repetição 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando A2&C2, quando se tem a codificação de repetições na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo, parcelas de 1 a 16. A coluna interação é uma combinação das colunas local-genótipo. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local (combinação bloco-repetição-local).

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vperm: variância dos efeitos permanentes.

Vint: variância da interação genótipos x locais.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2parc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$c2perm = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.

$c2int = c22$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais.

$c2bloc = c24$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

r: repetibilidade individual.

rgloc: correlação genotípica através dos locais.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

5.4.3 Delineamento em Blocos Incompletos, Vários Locais e Várias Safras, com Covariável (Modelo 130)

Modelo Estatístico

$y = X_m + \beta \text{Cov} + Z_g + W_p + Q_s + T_i + S_b + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição-local (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), s é o vetor dos efeitos de ambiente permanente (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos \times locais (aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente β refere-se à regressão associada à covariável Cov. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e locais e ajusta simultaneamente para todos esses efeitos e suas interações. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições e locais. No vetor m , pode-se, alternativamente, contemplar-se apenas as medições. Neste caso, os efeitos de repetição e locais são automaticamente redistribuídos como efeitos aleatórios confundidos nos efeitos de blocos. De maneira geral, não há prejuízo com esse tipo de abordagem.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Genótipo Med/Rep/Loc Parcela Indivíduo Interação Bloco Local Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis e uma covariável em 4 progênies em 2 medições e 2 repetições com 2 blocos incompletos em cada repetição, em 2 locais (medições 1 e 2 na repetição 1 do local 1, medições 3 e 4 na repetição 2 do local 1, medições 5 e 6 na repetição 1 do local 2, medições 7 e 8 na repetição 2 do local 2), com 2 plantas por parcela e um total de 32 Indivíduos (1 a 16 referentes à primeira planta em cada parcela e 17 a 32 referentes à segunda planta na parcela).

Observações	Genótipo	Med/Rep/Loc	Parcela	Indiv	Interação	Bloco	Local	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	1	11	1	1	0	10.3	0.35
2	2	1	12	2	12	1	1	1	8.5	0.14
3	3	1	13	3	13	2	1	2	8.6	0.54
4	4	1	14	4	14	2	1	3	1.6	2.40
5	1	2	11	1	11	1	1	4	10.4	0.35
6	2	2	12	2	12	1	1	5	8.7	0.14
7	3	2	13	3	13	2	1	8	8.8	0.54
8	4	2	14	4	14	2	1	7	1.7	2.50
9	1	3	21	5	11	3	1	8	10.5	0.35
10	2	3	22	6	12	3	1	7	8.9	0.14
11	3	3	23	7	13	4	1	5	8.1	0.54
12	4	3	24	8	14	4	1	6	1.8	2.60
13	1	4	21	5	11	3	1	4	10.6	0.35
14	2	4	22	6	12	3	1	3	8.1	0.14
15	3	4	23	7	13	4	1	2	8.2	0.54
16	4	4	24	8	14	4	1	1	1.9	2.70
17	1	5	31	9	21	5	2	0	10.3	0.35
18	2	5	32	10	22	5	2	1	8.5	0.14
19	3	5	33	11	23	6	2	2	8.6	0.54
20	4	5	34	12	24	6	2	3	1.6	2.40
21	1	6	31	9	21	5	2	4	10.4	0.35
22	2	6	32	10	22	5	2	5	8.7	0.14
23	3	6	33	11	23	6	2	8	8.8	0.54
24	4	6	34	12	24	6	2	7	1.7	2.50
25	1	7	41	13	21	7	2	8	10.5	0.35
26	2	7	42	14	22	7	2	7	8.9	0.14
27	3	7	43	15	23	8	2	5	8.1	0.54
28	4	7	44	16	24	8	2	6	1.8	2.60
29	1	8	41	13	21	7	2	4	10.6	0.35
30	2	8	42	14	22	7	2	3	8.1	0.14
31	3	8	43	15	23	8	2	2	8.2	0.54
32	4	8	44	16	24	8	2	1	1.9	2.70
33	1	1	11	17	11	1	1	0	10.3	0.35
34	2	1	12	18	12	1	1	1	8.5	0.14
35	3	1	13	19	13	2	1	2	8.6	0.54
36	4	1	14	20	14	2	1	3	1.6	2.40
37	1	2	11	17	11	1	1	4	10.4	0.35
38	2	2	12	18	12	1	1	5	8.7	0.14
39	3	2	13	19	13	2	1	8	8.8	0.54

segue

conclusão

Observações	Genótipo	Med/Rep/Loc	Parcela	Indiv	Interação	Bloco	Local	Covariável	Variável 1	Variável 2
40	4	2	14	20	14	2	1	7	1.7	2.50
41	1	3	21	21	11	3	1	8	10.5	0.35
42	2	3	22	22	12	3	1	7	8.9	0.14
43	3	3	23	23	13	4	1	5	8.1	0.54
44	4	3	24	24	14	4	1	6	1.8	2.60
45	1	4	21	21	11	3	1	4	10.6	0.35
46	2	4	22	22	12	3	1	3	8.1	0.14
47	3	4	23	23	13	4	1	2	8.2	0.54
48	4	4	24	24	14	4	1	1	1.9	2.70
49	1	5	31	25	21	5	2	0	10.3	0.35
50	2	5	32	26	22	5	2	1	8.5	0.14
51	3	5	33	27	23	6	2	2	8.6	0.54
52	4	5	34	28	24	6	2	3	1.6	2.40
53	1	6	31	25	21	5	2	4	10.4	0.35
54	2	6	32	26	22	5	2	5	8.7	0.14
55	3	6	33	27	23	6	2	8	8.8	0.54
56	4	6	34	28	24	6	2	7	1.7	2.50
57	1	7	41	29	21	7	2	8	10.5	0.35
58	2	7	42	30	22	7	2	7	8.9	0.14
59	3	7	43	31	23	8	2	5	8.1	0.54
60	4	7	44	32	24	8	2	6	1.8	2.60
61	1	8	41	29	21	7	2	4	10.6	0.35
62	2	8	42	30	22	7	2	3	8.1	0.14
63	3	8	43	31	23	8	2	2	8.2	0.54
64	4	8	44	32	24	8	2	1	1.9	2.70

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-genótipo. Assim, o código 12 representa repetição 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando A2&C2, quando se tem a codificação de repetições na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo, parcelas de 1 a 16. A coluna interação é uma combinação das colunas local-genótipo. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local (combinação bloco-repetição-local).

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vperm: variância de ambiente permanente.

Vint: variância da interação genótipos x locais.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2g: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c2perm: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais.

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

r: repetibilidade individual.

rgloc: correlação genotípica através dos locais.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

6 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS (OU POLINIZAÇÃO ABERTA EM ESPÉCIES ALÓGAMAS) - UMA OBSERVAÇÃO POR PARCELA

6.1 Avaliação em um Local e em uma Colheita ou Safra

Os experimentos podem ser instalados nos delineamentos em blocos completos, incompletos (látice, alfa, blocos aumentados), inteiramente ao acaso (DIC) e linha-coluna. As avaliações geralmente são realizadas ao nível do indivíduo na parcela, gerando uma só observação por parcela. Os modelos do Selegen que podem ser usados nessa situação são:

§ Delineamento em Blocos Completos: Modelo 19.

§ Delineamento em Blocos Completos, com Tabela da Análise de Variância: Modelo 95.

§ Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelo 15.

§ Delineamento em Blocos Completos, Análise com Covariável: Modelo 135.

§ Delineamento em Blocos Incompletos, Análise com Covariável: Modelo 137.

§ Delineamento Inteiramente ao Acaso: Modelo 82.

No Selegen Windows, os modelos 15, 19 e 82 podem ser encontrados na caixa “Modelos Mistos: Delineamentos Experimentais / Materiais Genéticos / Ambientes” da tela principal. O modelo 95 pode ser encontrado na caixa “Análise de Variância/REML” e os modelos 135 e 137 podem ser encontrados na caixa “Modelos Mistos com Covariável”.

6.1.1 Blocos Completos (Modelos 19 e 95)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se empregar o modelo 15, seguindo a seqüência de colunas de tal modelo e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progénie Repetição Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições.

Parcela	Progénie	Repetição	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	2	1	12.4	0.25
3	2	1	1	8.5	0.14
4	2	2	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h^2_a = h^2$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

$h2mp$: herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa.

$Acprog$: acurácia da seleção de progênie, assumindo sobrevivência completa.

$h2ad$: herdabilidade aditiva dentro de progênie.

$CVgi\%$: coeficiente de variação genética aditiva individual.

$CVgp\%$: coeficiente de variação genética entre progênies.

$CVe\%$: coeficiente de variação residual.

$CVr = CVg/CVe =$ coeficiente de variação relativa.

PEV : variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo sobrevivência completa.

SEP : desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

2. Componentes de Média (BLUP Individual)

Seleção de Indivíduos

Ordem	Bloco	Família	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	Ne	d	g
1	2	303	104.00	16.01	68.28	16.01	68.28	1.00	5.67	21.68
2	5	363	113.00	14.45	66.72	15.23	67.50	2.00	6.36	20,81
3	3	303	98.00	14.30	66.57	14.92	67.19	2.48	4.53	18.83
4	5	303	100.00	14.18	66.45	14.73	67.01	2.67	4.45	18.63
5	2	303	105.00	14.09	66.37	14.61	66.88	3.66	5.63	19.73

Seleção de Genitores

Ordem	Genitor	a	Ganho	Nova Média
1	323	16.83	16.83	69.10
2	303	15.01	15.92	68.19
3	375	12.59	14.81	67.08
4	353	11.29	13.93	66.20
5	304	10.41	13.23	65.50

Seleção com Sobreposição de Gerações

Ordem	Bloco	Família	a	Ganho	Nova Média
1	0	323	16.83	16.83	69.10
2	2	303	16.01	16.42	68.69
3	0	303	15.01	15.95	68.22
4	5	363	14.45	15.58	67.85
5	3	303	14.30	15.32	67.59

As seguintes quantidades são definidas:

f: valor fenotípico individual ou medição de campo;

a: efeito genético aditivo predito;

u + a: valor genético aditivo predito;

Ne: tamanho efetivo populacional;

d: efeito genético de dominância predito (supondo determinado grau médio de dominância no caso de progênies de meios irmãos);

g = a + d: efeito genotípico predito.

Valores 0 para o bloco na seleção com sobreposição de gerações, indica que o indivíduo em questão é uma matriz e não uma árvore do experimento.

Os valores genotípicos preditos das famílias ou progênies, em conjunto com a estimativa SEP podem ser usados para a obtenção de intervalos de confiança dos valores genotípicos preditos por meio da expressão $(u + g) \pm t SEP$, que $t = 1.96$ é o valor tabelado da distribuição t de Student. Isto é realizado pelo Selegen e apresentado no arquivo com extensão .fam. Verificando-se a sobreposição desses intervalos de confiança pode-se inferir sobre comparações múltiplas entre genótipos baseando-se em seus valores genotípicos preditos. Esses resultados são apresentados abaixo, em que LIIC e LSIC referem-se aos limites inferior e superior do intervalo de confiança, respectivamente.

Ordem	Genótipo	u+g	LIIC	LSIC
1	133	5.2399	4.9821	5.4977
2	123	5.1238	4.8660	5.3817
3	119	4.9985	4.7406	5.2563
4	122	4.9773	4.7195	5.2351
5	124	4.9462	4.6883	5.2040

6.1.2. Blocos Incompletos (Modelo 15)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Progênie Repetição Bloco Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições e 4 blocos.

Parcela	Progênie	Repetição	Bloco	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
3	2	1	1	1	8.5	0.14
5	3	1	2	1	8.6	0.54
7	4	1	2	1	8.7	0.94
2	1	2	3	1	12.4	0.25
4	2	2	4	1	5.2	0.34
6	3	2	3	1	5.3	0.74
8	4	2	4	1	5.4	0.11

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c2bloc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

h2mp: herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênie, assumindo sobrevivência completa.

CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual.

CVgp%: coeficiente de variação genética entre progênies.

CVe%: coeficiente de variação residual.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

6.1.3 Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 135)

Modelo Estatístico

$y = Xr + bCov + Za + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente b refere-se à regressão associada à covariável Cov . As letras romanas maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Progênie Repetição Obs/Parc Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições.

Parcela	Progênie	Repetição	Obs/Parcela	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
3	2	1	1	0	8.5	0.14
5	3	1	1	2	8.6	0.54
7	4	1	1	3	8.7	0.94
2	1	2	1	3	12.4	0.25
4	2	2	1	2	5.2	0.34
6	3	2	1	3	5.3	0.74
8	4	2	1	1	5.4	0.11

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

h2mp: herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênie, assumindo sobrevivência completa.

h2ad: herdabilidade aditiva dentro de progênie.

CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual.

CVgp%: coeficiente de variação genética entre progênies.

CVe%: coeficiente de variação residual.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

6.1.4 Blocos Incompletos, Análise com Covariável (Modelo 137)

Modelo Estatístico

$y = Xr + \beta \text{Cov} + Za + Wb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente β refere-se à regressão associada à covariável Cov. As letras romanas maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Bloco Obs/Parc Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições e uma covariável.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Bloco	Obs/Parc	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	2	1	1	1	0	12.4	0.25
3	3	1	2	1	2	8.5	0.14
4	4	1	2	1	3	5.2	0.34
5	1	2	3	1	3	7.5	0.83
5	2	2	3	1	2	6.3	0.87
7	3	2	4	1	3	4.1	0.37
8	4	2	4	1	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2a = h2$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

$c2bloc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

$h2mp$: herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênie, assumindo sobrevivência completa.

CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual.

CVgp%: coeficiente de variação genética entre progênies.

CVe%: coeficiente de variação residual.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

6.1.5 Delineamento Inteiramente ao Acaso (DIC): (Modelo 82)

Modelo Estatístico

$y = Xu + Za + e$, em que y é o vetor de dados, u é o escalar referente à média geral (efeito fixo), a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Progênie Média Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênie em 2 repetições.

Parcela	Progênie	Média	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	10.3	0.35
2	2	1	1	12.4	0.25
3	1	1	1	8.5	0.14
4	2	1	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

h_{2ad}: herdabilidade aditiva dentro de progênie.

CV_{gi}%: coeficiente de variação genética aditiva individual.

CV_{gp}%: coeficiente de variação genotípica entre progênie.

CV_e%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

6.2 Avaliação em Vários Locais e em uma Só Colheita ou Safra

Os experimentos em blocos completos e incompletos, instalados em vários locais e com avaliações realizadas ao nível do indivíduo na parcela (gerando uma só observação por parcela), podem ser analisados pelos seguintes modelos do Selegen:

§ Delineamento em Blocos Completos: Modelo 22.

§ Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelo 10.

§ Delineamento em Blocos Completos, Análise com Covariável: Modelo 136.

§ Delineamento em Blocos Incompletos, Análise com Covariável: Modelo 138.

No Selegen Windows, os modelos 10 e 22 podem ser encontrados na caixa “Modelos Mistos: Delineamentos Experimentais / Materiais Genéticos / Ambientes” da tela principal. Os modelos 135 e 137 podem ser encontrados na caixa “Modelos Mistos com Covariável”.

6.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelo 22)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wi + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todos as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios pode-se empregar o modelo 10, seguindo a seqüência de colunas de tal modelo e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos nos vários locais.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Progênie Repetição Interação Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênie em 2 repetições em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2).

Parcela	Progênie	Repetição	Interação	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	12	1	8.5	0.14
3	1	2	11	1	8.6	0.54
4	2	2	12	1	8.7	0.94
5	1	3	21	1	12.4	0.25
6	2	3	22	1	5.2	0.34
7	1	4	21	1	5.3	0.74
8	2	4	22	1	5.4	0.11

A coluna Interação deve codificar combinações local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de progênies na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2a = h2$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

$c2int = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

6.2.2 Blocos Incompletos em Vários Locais (Modelo 10)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wb + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todos as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios basta preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições e de locais serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Progênie Repetição Bloco Interação Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições e 4 blocos em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2).

Parcela	Progênie	Repetição	Bloco	Interação	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	1	12	1	8.5	0.14
3	3	1	2	13	1	8.6	0.54
4	4	1	2	14	1	1.6	2.40
5	1	2	3	11	1	10.4	0.35
6	2	2	3	12	1	8.7	0.14
7	3	2	4	13	1	8.8	0.54
8	4	2	4	14	1	1.7	2.50
9	1	3	5	21	1	10.5	0.35
10	2	3	5	22	1	8.9	0.14
11	3	3	6	23	1	8.1	0.54
12	4	3	6	24	1	1.8	2.60
13	1	4	7	21	1	10.6	0.35
14	2	4	7	22	1	8.1	0.14
15	3	4	8	23	1	8.2	0.54
16	4	4	8	24	1	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de progênies na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c2bloc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco.

c2int = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

6.2.3 Blocos Completos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 136)

Modelo Estatístico

$y = Xr + bCov + Za + Wi + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente b refere-se à regressão associada à covariável Cov . As letras romanas maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Interação Obs/Parc Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis e 1 covariável em 2 progênie em 2 repetições em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2).

Parcela	Progênie	Repetição	Interação	Obs/Parc	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	1	1	10.3	0.35
2	2	1	12	1	0	8.5	0.14
3	1	2	11	1	2	8.6	0.54
4	2	2	12	1	3	8.7	0.94
5	1	3	21	1	3	12.4	0.25
6	2	3	22	1	2	5.2	0.34
7	1	4	21	1	3	5.3	0.74
8	2	4	22	1	1	5.4	0.11

A coluna Interação deve codificar combinações local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de progênies na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h^2_a = h^2$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

$c^2_{int} = c^2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

6.2.4 Blocos Incompletos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 138)

Modelo Estatístico

$y = Xr + \beta Cov + Za + Wb + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente β refere-se à regressão associada à covariável Cov. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios basta preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições e de locais serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Progênie Repetição Bloco Interação Obs/Parc Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis e 1 covariável em 4 progênies em 2 repetições e 4 blocos em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2).

Parcela	Progênie	Repetição	Bloco	Interação	Obs/Parc	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	1	10.3	0.35
2	2	1	1	12	1	0	8.5	0.14
3	3	1	2	13	1	2	8.6	0.54
4	4	1	2	14	1	3	1.6	2.40
5	1	2	3	11	1	3	10.4	0.35
6	2	2	3	12	1	2	8.7	0.14
7	3	2	4	13	1	3	8.8	0.54
8	4	2	4	14	1	1	1.7	2.50
9	1	3	5	21	1	5	10.5	0.35
10	2	3	5	22	1	4	8.9	0.14
11	3	3	6	23	1	5	8.1	0.54
12	4	3	6	24	1	4	1.8	2.60
13	1	4	7	21	1	7	10.6	0.35
14	2	4	7	22	1	8	8.1	0.14
15	3	4	8	23	1	8	8.2	0.54
16	4	4	8	24	1	7	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de progênies na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c_{2bloc} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

c_{2int} = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

7 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS (OU POLINIZAÇÃO ABERTA EM ESPÉCIES ALÓGAMAS) – VÁRIAS OBSERVAÇÕES POR PARCELA

7.1 Avaliação em um Local e em uma Colheita

A avaliação de progênies de meios irmãos é uma atividade comum nos programas de seleção recorrente intrapopulacional em espécies perenes. Nesse caso, as unidades de recombinação são indivíduos e não famílias inteiras tal como ocorre no melhoramento de culturas anuais, em que são utilizadas sementes remanescentes para recombinação. Em espécies perenes os próprios indivíduos avaliados são recombinados, podendo-se também incluir na recombinação alguns genitores. Assim, os modelos de análise devem ser ao nível de indivíduos e não ao nível de médias de famílias tal como usado no melhoramento de plantas anuais. Este tipo de análise (nível de médias) apresenta deficiências, pois: não lida com o desbalanceamento dos dados, fato que sempre ocorre na experimentação de campo; não utiliza todos os efeitos do modelo estatístico estabelecido em nível de indivíduo; sob desbalanceamento não utiliza adequadamente o parentesco genético entre os indivíduos em avaliação; não considera que os próprios indivíduos avaliados serão recombinados e não os seus irmãos (sementes remanescentes), ou seja, não considera a coincidência entre unidade de seleção e unidade de recombinação. O método ótimo de seleção é o BLUP individual o qual utiliza todos os efeitos do modelo estatístico, contempla o desbalanceamento, utiliza o parentesco genético entre os indivíduos em avaliação, considera a coincidência entre unidade de seleção e unidade de recombinação. Na estimação dos parâmetros genéticos, o método da análise de variância não permite considerar o desbalanceamento. Somente o método da máxima verossimilhança residual (REML) permite uma análise eficiente nessa situação. Assim, o uso do método REML/BLUP é essencial nessa situação.

Os experimentos podem ser instalados nos delineamentos em blocos completos, incompletos (látice, alfa, blocos aumentados), inteiramente ao acaso (DIC) e linha-coluna. A tomada de dados é realizada ao nível de indivíduos dentro de parcelas, gerando várias observações por parcela. Os modelos do Selegen que podem ser usados nessa situação são:

- § Delineamento em Blocos Completos: Modelo 1.
- § Delineamento em Blocos Completos, com Tabela da Análise de Variância: Modelo 93.
- § Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelo 6.
- § Delineamento em Blocos Completos, Análise com Covariável: Modelo 131.
- § Delineamento em Blocos Incompletos, Análise com Covariável: Modelo 133.
- § Delineamento Inteiramente ao Acaso: Modelo 80.
- § Delineamento em Linha-Coluna: Modelo 56.
- § Delineamento de “Parejas” Dentro de Bloco: Modelo 158
- § Delineamento de “Parejas” Dentro de Bloco, com Desbaste: Modelo 159

No Selegen Windows, os modelos 1, 6, 56, 80, 158 e 159 podem ser encontrados na caixa “Modelos Mistos: Delineamentos Experimentais / Materiais Genéticos / Ambientes” da tela principal. O modelo 93 pode ser encontrado na caixa “Análise de Variância/REML” e os modelos 131 e 133 podem ser encontrados na caixa “Modelos Mistos com Covariável”.

7.1.1 Blocos Completos (Modelos 1 e 93)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se empregar o modelo 6, seguindo a seqüência de colunas de tal modelo e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições com 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Parcela	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	12.4	0.25
3	2	1	2	1	8.5	0.14
4	2	1	2	2	5.2	0.34
5	1	2	3	1	7.5	0.83
5	1	2	3	2	6.3	0.87
7	2	2	4	1	4.1	0.37
8	2	2	4	2	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

V_{parc}: variância ambiental entre parcelas.

Ve: variância residual (ambiental + não aditiva).

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

h_{2aj}: herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela.

c_{2parc} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

h_{2mp}: herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa.

h_{2ad}: herdabilidade aditiva dentro de parcela.

CV_{gi}%: coeficiente de variação genética aditiva individual.

CV_{gp}%: coeficiente de variação genotípica entre progênies.

CV_e%: coeficiente de variação residual.

CV_r = CV_{gp}/CV_e = coeficiente de variação relativa.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

7.1.2 Blocos Incompletos (Modelo 6)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + Tb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Bloco Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições e 4 blocos, com 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Parcela	Bloco	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
3	1	1	1	1	2	8.5	0.14
5	2	1	2	1	1	8.6	0.54
7	2	1	2	1	2	8.7	0.94
2	3	1	3	2	1	12.4	0.25
4	3	1	3	2	2	5.2	0.34
6	4	1	4	2	1	5.3	0.74
8	4	1	4	2	2	5.4	0.11
9	1	2	5	3	1	12.3	0.55
10	1	2	5	3	2	8.5	0.14
11	2	2	6	3	1	7.6	0.64
12	2	2	6	3	2	8.7	0.74
13	3	2	7	4	1	10.4	0.25
14	3	2	7	4	2	5.2	0.34
15	4	2	8	4	1	5.3	0.54
16	4	2	8	4	2	3.4	0.13

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Ve: variância residual (ambiental + não aditiva).

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

h2aj: herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcelas.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c2bloc = c21: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual.

CVgp%: coeficiente de variação genotípica entre progênes.

CVe%: coeficiente de variação residual.

CVr = CVgp/CVe = coeficiente de variação relativa.

h2mp: herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa.

h2ad: herdabilidade aditiva dentro de parcela.

Acprog: acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

7.1.3 Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 131)

Modelo Estatístico

$y = Xr + bCov + Za + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente b refere-se à regressão associada à covariável Cov. As letras romanas maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Árvore Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênes em 2 repetições com 2 plantas (árvores) por parcela e uma covariável.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Parcela	Árvore	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	0	12.4	0.25
3	2	1	2	1	2	8.5	0.14
4	2	1	2	2	3	5.2	0.34
5	1	2	3	1	3	7.5	0.83
5	1	2	3	2	2	6.3	0.87
7	2	2	4	1	3	4.1	0.37
8	2	2	4	2	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Ve: variância residual (ambiental + não aditiva).

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

h2aj: herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcelas.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

h2mp: herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa.

h2ad: herdabilidade aditiva dentro de parcela.

CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual.

CVgp%: coeficiente de variação genotípica entre progênies.

CVe%: coeficiente de variação residual.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

7.1.4. Blocos Incompletos, Análise com Covariável (Modelo 133)

Modelo Estatístico

$y = Xr + \beta \text{Cov} + Za + Wp + Tb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente β refere-se à regressão associada à covariável Cov. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Bloco Árvore Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições e 4 blocos, com 2 plantas (árvore) por parcela.

dividuo	Progênie	Repetição	Parcela	Bloco	Árvore	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	2	0	8.5	0.14
3	2	1	2	1	1	2	8.6	0.54
4	2	1	2	1	2	3	8.7	0.94
5	3	1	3	2	1	3	12.4	0.25
6	3	1	3	2	2	2	5.2	0.34
7	4	1	4	2	1	3	5.3	0.74
8	4	1	4	2	2	1	5.4	0.11
9	1	2	5	3	1	0	12.3	0.55
10	1	2	5	3	2	2	8.5	0.14
11	2	2	6	3	1	3	7.6	0.64
12	2	2	6	3	2	3	8.7	0.74
13	3	2	7	4	1	2	10.4	0.25
14	3	2	7	4	2	3	5.2	0.34
15	4	2	8	4	1	1	5.3	0.54
16	4	2	8	4	2	5	3.4	0.13

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Ve: variância residual (ambiental + não aditiva).

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c2bloc = c21: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual.

CVgp%: coeficiente de variação genotípica entre progênies.

CVe%: coeficiente de variação residual.

h2mp: herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa.

h2ad: herdabilidade aditiva dentro de parcela.

Acprog: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

7.1.5 Delineamento Inteiramente ao Acaso (DIC): Modelo 80

Modelo Estatístico

$y = Xu + Za + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, u é o efeito da média geral (fixo), a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Média Parcela Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições com 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Progênie	Média	Parcela	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	12.4	0.25
3	2	1	2	1	8.5	0.14
4	2	1	2	2	5.2	0.34
5	1	1	3	1	7.5	0.83
5	1	1	3	2	6.3	0.87
7	2	1	4	1	4.1	0.37
8	2	1	4	2	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

V_a : variância genética aditiva.

V_{parc} : variância ambiental entre parcelas.

V_e : variância residual (ambiental + não aditiva).

V_f : variância fenotípica individual.

$h_{2a} = h_2$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

h_{2aj} : herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcelas.

$c_{2\text{parc}} = c_2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

h_{2ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela.

$CV_{gi}\%$: coeficiente de variação genética aditiva individual.

CVgp%: coeficiente de variação genotípica entre progênes.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

7.1.6 Delineamento Linha-Coluna: Modelo 56

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + Ql + Tc + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetições somados à média geral (fixos), a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (assumidos como aleatórios), l é o vetor dos efeitos de linhas (assumidos como aleatórios), c é vetor dos efeitos de colunas (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Linha Coluna Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênes em 2 repetições, com 2 plantas (árvores) por parcela.

livíduo	Progênie	Repetição	Parcela	Linha	Coluna	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	1	2	8.5	0.14
3	2	1	2	1	2	1	8.6	0.54
4	2	1	2	2	2	2	1.6	2.40
5	3	1	3	1	3	1	10.4	0.35
6	3	1	3	2	3	2	8.7	0.14
7	4	1	4	1	4	1	8.8	0.54
8	4	1	4	2	4	2	1.7	2.50
9	1	2	5	3	1	1	10.5	0.35
10	1	2	5	4	1	2	8.9	0.14
11	2	2	6	3	2	1	8.1	0.54
12	2	2	6	4	2	2	1.8	2.60
13	3	2	7	3	3	1	10.6	0.35
14	3	2	7	4	3	2	8.1	0.14
15	4	2	8	3	4	1	8.7	0.56
16	4	2	8	4	4	1	8.2	0.54

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vlinha: variância entre linhas.

Vcoluna: variância entre colunas.

Ve: variância residual (ambiental + não aditiva).

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

h_{2aj}: herdabilidade individual ajustada, no sentido restrito.

c_{2parc} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c_{2linha} = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos de linhas.

c_{2coluna} = c₂₂: coeficiente de determinação dos efeitos de colunas.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

7.1.7 Delineamento de “Parejas” Dentro de Bloco: Modelo 158

O delineamento de “parejas” dentro de blocos foi proposto por Olman Murillo, pesquisador do Instituto Tecnológico da Costa Rica, com o objetivo de avaliar espécies madeireiras como a Teca, por longo período, antes e após desbaste deixando apenas uma planta do par ou “pareja”. O objetivo é permitir que se estime a interação famílias x blocos de forma não confundida com os efeitos ambientais de parcela e também permitir que o experimento permaneça aproximadamente balanceado e com plantas aproximadamente equidistantes após o desbaste. Isto tende a minimizar os efeitos da competição diferenciada após o desbaste (Badilla e Murillo, 1999). Nesse delineamento, vários pares de plantas de cada progênie são distribuídos dentro de cada bloco.

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de “parejas” (aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação progênies x blocos (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Pareja Interação Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições, cada uma com 2 “parejas” de cada progênie e com 2 plantas (árvores) por “pareja”.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Pareja	Interação	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	1	1	1	11	2	8.5	0.14
3	1	1	2	11	1	8.6	0.54
4	1	1	2	11	2	8.7	0.94
5	2	1	3	12	1	12.4	0.25
6	2	1	3	12	2	5.2	0.34
7	2	1	4	12	1	5.3	0.74
8	2	1	4	12	2	5.4	0.11
9	1	2	5	21	1	10.7	0.55
10	1	2	5	21	2	8.5	0.14
11	1	2	6	21	1	8.2	0.42
12	1	2	6	21	2	8.7	0.94
13	2	2	7	22	1	17.4	0.35
14	2	2	7	22	2	8.2	0.34
15	2	2	8	22	1	5.3	0.64
16	2	2	8	22	2	5.9	0.18

A coluna Interação deve codificar combinações bloco-progênie. Assim, o código 12 representa bloco 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =C2&B2, quando se tem a codificação de blocos na coluna C e de progênies na coluna B. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vparejas: variância ambiental entre parejas.

VintFamBloc: variância da interação famílias x blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

$c2_{\text{parejas}} = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parejas.

$c2_{\text{intFamBloc}} = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação famílias x blocos.
 $h2_{\text{mp}}$: herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa.

Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa.

$h2_{\text{ad}}$: herdabilidade aditiva dentro de parejas.

rg_{loc} : correlação genotípica entre o desempenho das progênes nos vários blocos.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênes, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênes, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

7.1.8 Delineamento de “Parejas” Dentro de Bloco, com Desbaste: Modelo 159

Modelo Estatístico

Após o desbaste de uma planta do par o modelo torna-se:

$y = Xr + Za + Wi + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetições (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação progênes x blocos (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Interação Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênes em 2 repetições, cada uma com 2 “parejas” de cada progênie e com 1 planta (árvore) por “pareja”.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Interação	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	1	1	11	1	8.6	0.54
3	2	1	12	1	12.4	0.25
4	2	1	12	1	5.3	0.74
5	1	2	21	1	10.7	0.55
6	1	2	21	1	8.2	0.42
7	2	2	22	1	17.4	0.35
8	2	2	22	1	5.3	0.64

A coluna Interação deve codificar combinações bloco-progênie. Assim, o código 12 representa bloco 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =C2&B2, quando se tem a codificação de blocos na coluna C e de progênies na coluna B. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

VintFamBloc: variância da interação famílias x blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c2intFamBloc = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da interação famílias x blocos.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho das progênies nos vários blocos.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

7.2 Avaliação em Vários Locais e em uma Colheita ou Safra

Os experimentos em blocos completos ou incompletos, instalados em vários locais e com avaliações realizadas ao nível de Indivíduos dentro de parcelas (gerando várias observações por parcela), podem ser analisados pelos seguintes modelos do Selegen:

§ Delineamento em Blocos Completos: Modelo 4.

§ Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelo 13.

§ Delineamento em Blocos Completos, Análise com Covariável: Modelo 132.

§ Delineamento em Blocos Incompletos, Análise com Covariável: Modelo 134.

No Selegen Windows, os modelos 4 e 13 podem ser encontrados na caixa “Modelos Mistos: Delineamentos Experimentais/Materiais Genéticos/Ambientes” da tela principal. Os modelos 132 e 134 podem ser encontrados na caixa “Modelos Mistos com Covariável”.

7.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelo 4)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios pode-se empregar o modelo 13, seguindo a seqüência de colunas de tal modelo e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos nos vários locais.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Interação Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2), com 2 plantas (árvores) por parcela.

Parcela	Progênie	Repetição	Parcela	Interação	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	1	1	1	11	2	8.5	0.14
3	2	1	2	12	1	8.6	0.54
4	2	1	2	12	2	8.7	0.94
5	1	2	3	11	1	12.4	0.25
6	1	2	3	11	2	5.2	0.34
7	2	2	4	12	1	5.3	0.74
8	2	2	4	12	2	5.4	0.11
9	1	3	5	21	1	10.7	0.55
10	1	3	5	21	2	8.5	0.14
11	2	3	6	22	1	8.2	0.42
12	2	3	6	22	2	8.7	0.94
13	1	4	7	21	1	17.4	0.35
14	1	4	7	21	2	8.2	0.34
15	2	4	8	22	1	5.3	0.64
16	2	4	8	22	2	5.9	0.18

A coluna Interação deve codificar combinações local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de progênies na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c_{2parc} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c_{2int} = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

h_{2mp}: herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa.

h_{2ad}: herdabilidade aditiva dentro de parcela.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho das progênies nos vários ambientes.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênies, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênies, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

7.2.2 Blocos Incompletos em Vários Locais (Modelo 13)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + Qb + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios basta preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições e de locais serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Bloco Interação Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições e 4 blocos em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2), com 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Parcela	Bloco	Interação	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	11	2	8.5	0.14
3	2	1	2	1	12	1	8.6	0.54
4	2	1	2	1	12	2	1.6	2.40
5	3	1	3	2	13	1	10.4	0.35
6	3	1	3	2	13	2	8.7	0.14
7	4	1	4	2	14	1	8.8	0.54
8	4	1	4	2	14	2	1.7	2.50
9	1	2	5	3	11	1	10.5	0.35
10	1	2	5	3	11	2	8.9	0.14
11	2	2	6	3	12	1	8.1	0.54
12	2	2	6	3	12	2	1.8	2.60
13	3	2	7	4	13	1	10.6	0.35
14	3	2	7	4	13	2	8.1	0.14
15	4	2	8	4	14	1	8.2	0.54
16	4	2	8	4	14	2	1.9	2.70
17	1	3	9	5	21	1	10.3	0.35
18	1	3	9	5	21	2	8.5	0.14
19	2	3	10	5	22	1	8.6	0.54
20	2	3	10	5	22	2	1.6	2.40
21	3	3	11	6	23	1	10.4	0.35
22	3	3	11	6	23	2	8.7	0.14
23	4	3	12	6	24	1	8.8	0.54
24	4	3	12	6	24	2	1.7	2.50
25	1	4	13	7	21	1	10.5	0.35
26	1	4	13	7	21	2	8.9	0.14
27	2	4	14	7	22	1	8.1	0.54
28	2	4	14	7	22	2	1.8	2.60
29	3	4	15	8	23	1	10.6	0.35
30	3	4	15	8	23	2	8.1	0.14
31	4	4	16	8	24	1	8.2	0.54
32	4	4	16	8	24	2	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c₂parc = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c₂bloc = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

c₂int = c₂₂: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho das progênies nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

7.2.3 Blocos Completos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 132)

Modelo Estatístico

$y = Xr + bCov + Za + Wp + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente b refere-se à regressão associada à covariável Cov . As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios pode-se empregar o modelo 134, seguindo a seqüência de colunas de tal modelo e preenchendo-se toda a coluna de

repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos nos vários locais.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Interação Árvore Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2), com 2 plantas (árvores) por parcela e uma covariável.

Parcela	Progênie	Repetição	Parcela	Interação	Árvore	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	0	10.3	0.35
2	1	1	1	11	2	1	8.5	0.14
3	2	1	2	12	1	2	8.6	0.54
4	2	1	2	12	2	3	8.7	0.94
5	1	2	3	11	1	4	12.4	0.25
6	1	2	3	11	2	5	5.2	0.34
7	2	2	4	12	1	8	5.3	0.74
8	2	2	4	12	2	7	5.4	0.11
9	1	3	5	21	1	8	10.7	0.55
10	1	3	5	21	2	7	8.5	0.14
11	2	3	6	22	1	5	8.2	0.42
12	2	3	6	22	2	6	8.7	0.94
13	1	4	7	21	1	4	17.4	0.35
14	1	4	7	21	2	3	8.2	0.34
15	2	4	8	22	1	2	5.3	0.64
16	2	4	8	22	2	1	5.9	0.18

A coluna Interação deve codificar combinações local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

V_{parc}: variância ambiental entre parcelas.

V_{int}: variância da interação genótipos x ambientes.

V_e: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h_{2a} = h_2$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

$c_{2\text{parc}} = c_2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$c_{2\text{int}} = c_{21}$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

$h_{2\text{mp}}$: herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa.

$h_{2\text{ad}}$: herdabilidade aditiva dentro de parcela.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho das progênies nos vários ambientes.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênies, assumindo sobrevivência completa.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênies, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

7.2.4 Blocos Incompletos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 134)

Modelo Estatístico

$y = Xr + bCov + Za + Wp + Qb + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente b refere-se à regressão associada à covariável Cov. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios basta preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições e de locais serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Bloco Interação Árvore Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênie em 2 repetições e 4 blocos em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2), com 2 plantas (árvores) por parcela e uma covariável.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Parcela	Bloco	Interação	Árvore	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	1	0	10.3	0.35
2	1	1	1	1	11	2	1	8.5	0.14
3	2	1	2	1	12	1	2	8.6	0.54
4	2	1	2	1	12	2	3	1.6	2.40
5	3	1	3	2	13	1	4	10.4	0.35
6	3	1	3	2	13	2	5	8.7	0.14
7	4	1	4	2	14	1	8	8.8	0.54
8	4	1	4	2	14	2	7	1.7	2.50
9	1	2	5	3	11	1	8	10.5	0.35
10	1	2	5	3	11	2	7	8.9	0.14
11	2	2	6	3	12	1	5	8.1	0.54
12	2	2	6	3	12	2	6	1.8	2.60
13	3	2	7	4	13	1	4	10.6	0.35
14	3	2	7	4	13	2	3	8.1	0.14
15	4	2	8	4	14	1	2	8.2	0.54
16	4	2	8	4	14	2	1	1.9	2.70
17	1	3	9	5	21	1	0	10.3	0.35
18	1	3	9	5	21	2	1	8.5	0.14
19	2	3	10	5	22	1	2	8.6	0.54
20	2	3	10	5	22	2	3	1.6	2.40
21	3	3	11	6	23	1	4	10.4	0.35
22	3	3	11	6	23	2	5	8.7	0.14
23	4	3	12	6	24	1	8	8.8	0.54
24	4	3	12	6	24	2	7	1.7	2.50
25	1	4	13	7	21	1	8	10.5	0.35
26	1	4	13	7	21	2	7	8.9	0.14
27	2	4	14	7	22	1	5	8.1	0.54
28	2	4	14	7	22	2	6	1.8	2.60
29	3	4	15	8	23	1	4	10.6	0.35
30	3	4	15	8	23	2	3	8.1	0.14
31	4	4	16	8	24	1	2	8.2	0.54
32	4	4	16	8	24	2	1	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h²a = h²: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c²parc = c²: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c²bloc = c²1: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

c²int = c²2: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho das progênies nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

7.3 Avaliação em um Local e em Várias Colheitas ou Safras (Culturas Perenes)

Considerações importantes sobre a análise de medidas repetidas são apresentadas no tópico 4.3. No presente caso, o modelo de análise conjunta envolvendo dados de diferentes cortes também precisa ser definido em nível de indivíduo. E nesse caso deve ser incorporado um vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente visando contemplar o fato de que as medidas repetidas (cortes sucessivos) no mesmo indivíduo são correlacionadas. Tal modelo permitirá estimar simultaneamente a herdabilidade e a repetibilidade dos caracteres, além de propiciar estimativas dos valores genéticos em nível individual, livres de todos os efeitos ambientais de parcelas, blocos e épocas de colheita.

O modelo completo de repetibilidade ou de simetria composta (CS) associado ao delineamento experimental de blocos ao acaso com várias plantas por parcela é dado por $Y_{ijkl} = \mu + g_i + b_j + m_k + gb_{ij} + gm_{ik} + bm_{jk} + gbm_{ijk} + e_{ijkl}$. Considerando os efeitos ambientais de blocos (b), medições (m) e interação blocos x medições como fixos, os mesmos podem ser ajustados somados a média geral, em um único vetor de efeitos fixos (b) dado pela combinação bloco-medição. Assim, o modelo linear misto resultante equivale a $Y_{ijkl} = \beta_{jk} + g_i + gm_{ik} + gb_{ij} + gbm_{ijk} + e_{ijkl}$. Esse modelo foi implementado como modelo 116 (descrito no item 5.3.4) no software Selegen-Reml/Blup. Tal modelo pode ser usado como modelo inicial para testar a significância dos vários efeitos, via análise de deviance, conforme apresentado no tópico 3. O modelo 116 não permite a seleção de indivíduos mas se o número de colheitas é o mesmo para todos os indivíduos, tal seleção pode ser realizada com eficiência máxima pelo modelo 1, entrando com os dados ao nível de médias por indivíduo. Nesse caso, recomenda-se o uso do modelo 116 para a estimação de parâmetros genéticos e o modelo 1 para a seleção de indivíduos.

Desdobrando este modelo em termos de efeitos permanentes (p) e temporários (t) tem-se $y = \beta + g_p + g_t + p_p + p_t + e_p + e_t$, em que:

$g_i = g_p$: efeito de genótipo, permanente através das colheitas.

$gm_{ik} = g_t$: efeito de genótipo, temporário em cada colheita.

$gb_{ij} = p_p$: efeito de parcela, permanente através das colheitas.

$gbm_{ijk} = p_t$: efeito de parcela, temporário em cada colheita.

$e_{ijk} = e_p + e_t$: efeito permanente + temporário de indivíduo dentro de parcela.

Em termos de variâncias destes efeitos tem-se:

$\sigma_{gp}^2 = \sigma_g^2$: variância genotípica ou covariância dos efeitos genotípicos através das colheitas; é a covariância genotípica através das colheitas em um modelo multivariado.

$\sigma_{gt}^2 = \sigma_{gm}^2$: variância da interação genótipos x medições.

$\sigma_{pp}^2 = \sigma_{gb}^2$: variância dos efeitos permanentes de parcela ou covariância dos efeitos de parcela através das colheitas em um modelo multivariado.

$\sigma_{pt}^2 = \sigma_{gbm}^2$: variância dos efeitos temporários de parcela ou da interação parcelas x medições.

σ_{ep}^2 : variância permanente de indivíduo dentro de parcela ou covariância dos efeitos de indivíduos dentro de parcela através das colheitas em um modelo multivariado.

σ_{et}^2 : variância temporária de indivíduo dentro de parcela.

Verifica-se que tal modelo é bastante próximo ao modelo multivariado, desde que haja homogeneidade

de variâncias. Assumindo que a interação dos ambientes das parcelas x medições (gbm) é desprezível e/ou pode ser reunida ao erro temporário, o modelo simplifica-se para $y = \beta + g_p + g_t + p_p + e_p + e_t = \beta + g + gm + gb + e_p + e_t$, o qual é denominado modelo de repetibilidade + interação genótipos x medições. Esse modelo foi implementado como modelo 62 no Selegen-Reml/Blup. Assumindo adicionalmente que a correlação genotípica através das medições aproxima 1 (interação g x m não significativa), o modelo se reduz a $y = \beta + g_p + p_p + e_p + e_t = \beta + g + gb + e_p + e_t$, o qual é denominado modelo simplificado de repetibilidade, o qual encontra-se implementado nos modelos 8 e 67 do Selegen. A adequação desses modelos pode ser avaliada rodando-se o modelo 116, descrito no item 5.3.4, declarando o coeficiente c2gm como zero e realizando o teste da razão de verossimilhança, conforme descrito no tópico 3.

Os experimentos em blocos completos e incompletos, associados a medidas repetidas em várias colheitas, com avaliações realizadas ao nível de Indivíduos dentro de parcelas em cada colheita (gerando várias observações por parcela em cada safra), podem ser analisados pelos seguintes modelos do Selegen:

Delineamento em Blocos Completos com Resultado Único por Indivíduo: Modelo 8.

Delineamento em Blocos Completos com Resultado por Indivíduo e Safra com Estabilidade e Adaptabilidade Temporal pelo Método MHPRVG: Modelo 62.

Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelo 67.

No Selegen Windows, os modelos 8, 62 e 67 podem ser encontrados na caixa “Repetibilidade e Dados Longitudinais” da tela principal.

7.3.1 Delineamento em Blocos Completos com Resultado por Indivíduo (Modelo 8)

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_a + W_p + T_s + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), s é vetor dos efeitos permanentes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para os efeitos de repetições, medições e interação repetições x medições. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Progênie Med-Repetição Parcela Indivíduo Medição Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições com 2 medições por indivíduo (medições 1 e 2 na repetição 1 e medições 3 e 4 na repetição 2), com 2 plantas por parcela e um total de 8 Indivíduos.

Observações	Progênie	Med-Repet	Parcela	Indivíduo	Medição	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	2	1	1	2	8.5	0.14
3	1	1	1	2	1	8.6	0.54
4	1	2	1	2	2	8.7	0.94
5	2	1	2	3	1	12.4	0.25
6	2	2	2	3	2	5.2	0.34
7	2	1	2	4	1	5.3	0.74
8	2	2	2	4	2	5.4	0.11
9	1	3	3	5	1	11.3	0.45
10	1	4	3	5	2	8.5	0.17
11	1	3	3	6	1	3.6	0.54
12	1	4	3	6	2	8.7	0.94
13	2	3	4	7	1	11.4	0.35
14	2	4	4	7	2	5.2	0.34
15	2	3	4	8	1	7.3	0.94
16	2	4	4	8	2	3.4	0.21

Acoluna Parcela deve codificar combinações repetição-progênie. Assim, o código 12 representa repetição 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de repetições na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo parcelas de 1 a 4. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

V_a : variância genética aditiva.

V_{parc} : variância ambiental entre parcelas.

V_{perm} : variância dos efeitos permanentes.

V_e : variância residual temporária.

V_f : variância fenotípica individual.

$h_{2a} = h_2$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

r : repetibilidade individual.

$c_{2\text{parc}} = c_2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$c2perm = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

Eficiência do uso de m medidas ou colheitas

São apresentados resultados referentes à herdabilidade em nível de Indivíduos associada à média de colheitas ($herdab_i_média$), determinação e acurácia da predição de valores genéticos aditivos individuais, obtidos com a realização de m medidas repetidas. É também apresentada a eficiência da realização de m medidas em comparação com a situação em que se usa apenas uma medição.

7.3.2 Delineamento em Blocos Completos com Resultado por Indivíduo e Safra, com Estabilidade e Adaptabilidade Temporal pelo Método MHPRVG (Modelo 62)

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_a + W_p + Q_i + T_s + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições (aleatórios), s é o vetor dos efeitos permanentes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para os efeitos de repetições, medição e interação repetições x medições. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Medição Observações Progênie Med-Repetição Parcela Interação Indivíduo Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições com 2 medições por indivíduo (medições 1 e 2 na repetição 1 e medições 3 e 4 na repetição 2), com 2 plantas (árvore) por parcela e um total de 8 Indivíduos.

Medição	Observações	Progênie	Med- Repet	Parcela	Interação	Indivíduo	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	1	1	10.3	0.35
2	2	1	2	1	12	1	1	8.5	0.14
1	3	1	1	1	11	2	2	8.6	0.54
2	4	1	2	1	12	2	2	8.7	0.94
1	5	2	1	2	21	3	1	12.4	0.25
2	6	2	2	2	22	3	1	5.2	0.34
1	7	2	1	2	21	4	2	5.3	0.74
2	8	2	2	2	22	4	2	5.4	0.11
1	9	1	3	3	11	5	1	11.3	0.45
2	10	1	4	3	12	5	1	8.5	0.17
1	11	1	3	3	11	6	2	3.6	0.54
2	12	1	4	3	12	6	2	8.7	0.94
1	13	2	3	4	21	7	1	11.4	0.35
2	14	2	4	4	22	7	1	5.2	0.34
1	15	2	3	4	21	8	2	7.3	0.94
2	16	2	4	4	22	8	2	3.4	0.21

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-progênie. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo parcelas de 1 a 4.

A coluna Interação refere-se à interação progênie x medições e deve codificar combinações progênie-medição. Assim, o código 12 representa progênie 1 na medição 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de medições na coluna A e de genótipos na coluna C. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica entre progênie; equivale a (1/4) da variação genética aditiva.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vgm: variância da interação genótipos x medições.

Vperm: variância dos efeitos permanentes.

Ve: variância residual temporária.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade individual entre progênes.

r : repetibilidade individual.

$c2_{\text{parc}} = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$c2_{\text{gm}} = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições.

$c2_{\text{perm}} = c22$: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.

rg_{med} : correlação genotípica através das medições.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.2.3 (para a seleção de progênes) e 6.1.1 (para a seleção de Indivíduos) são igualmente válidos.

7.3.3 Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice (Modelo 67)

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_a + W_p + Q_s + T_b + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (assumidos como aleatórios), s é vetor dos efeitos permanentes (aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para os efeitos de repetições, medições e interação repetições x medições. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições. No vetor m , pode-se, alternativamente, contemplar-se apenas as medições. Neste caso, os efeitos de repetição são automaticamente redistribuídos como efeitos aleatórios confundidos nos efeitos de blocos. De maneira geral, não há prejuízo com esse tipo de abordagem.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Progênie Med-Repetição Parcela Indivíduo Bloco Medição Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênes e 4 blocos em 2 medições em cada uma de 2 repetições (medições 1 e 3 na repetição 1 e medições 2 e 4 na repetição 2), com 2 plantas por parcela e um total de 16 indivíduos.

Observações	Progênie	Med-Repet	Parcela	Indivíduo	Bloco	Medição	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	1	1	8.5	0.14
3	2	1	2	3	1	1	8.6	0.54
4	2	1	2	4	1	1	1.6	2.4
5	3	1	3	5	2	1	10.4	0.35
6	3	1	3	6	2	1	8.7	0.14
7	4	1	4	7	2	1	8.8	0.54
8	4	1	4	8	2	1	1.7	2.5
9	1	2	5	9	3	1	10.5	0.35
10	1	2	5	10	3	1	8.9	0.14
11	2	2	6	11	3	1	8.1	0.54
12	2	2	6	12	3	1	1.8	2.6
13	3	2	7	13	4	1	10.6	0.35
14	3	2	7	14	4	1	8.11	0.14
15	4	2	8	15	4	1	8.12	0.54
16	4	2	8	16	4	1	1.9	2.7
17	1	3	1	1	1	2	10.6	0.94
18	1	3	1	2	1	2	8.11	0.134
19	2	3	2	3	1	2	8.12	2.7
20	2	3	2	4	1	2	1.9	0.35
21	3	3	3	5	2	2	10.7	0.14
22	3	3	3	6	2	2	8.13	0.54
23	4	3	4	7	2	2	8.14	2.8
24	4	3	4	8	2	2	1.1	0.174
25	1	4	5	9	3	2	10.7	0.214
26	1	4	5	10	3	2	8.13	2.8
27	2	4	6	11	3	2	8.14	0.35
28	2	4	6	12	3	2	1.1	0.14
29	3	4	7	13	4	2	10.8	0.54
30	3	4	7	14	4	2	8.15	2.9
31	4	4	8	15	4	2	8.16	0.254
32	4	4	8	16	4	2	1.11	0.294

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-progênie. Assim, o código 12 representa repetição 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de repetições na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo, parcelas de 1 a 8. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vperm: variância dos efeitos permanentes.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c2perm = c21: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.

c2bloc = c22: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

r: repetibilidade individual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

7.4 Avaliação em Vários Locais e em Várias Colheitas ou Safras (Culturas Perenes)

Os experimentos em blocos completos e incompletos, instalados em vários locais e com avaliações realizadas em várias safras ao nível de indivíduos dentro de parcelas por safra (gerando várias observações por parcela por safra), podem ser analisados pelos seguintes modelos do Selegen.

§ Delineamento em Blocos Completos: Modelo 65.

§ Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelo 73.

No Selegen Windows, os modelos 65 e 73 podem ser encontrados na caixa “Repetibilidade e Dados Longitudinais” da tela principal.

7.4.1 Delineamento em Blocos Completos, Vários Locais e Várias Colheitas ou Safras (Modelo 65)

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_a + W_p + T_s + Q_i + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição-local (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), s é vetor dos efeitos de ambiente permanente (aleatórios) e i é o vetor dos efeitos da interação genótipos \times locais (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições nos vários locais e ajusta simultaneamente para todos esses efeitos e suas interações. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições e locais.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Progênie Med-Rep-Loc Parcela Indivíduo Interação Local Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 medições e 2 repetições em 2 locais (medições 1 e 2 na repetição 1 do local 1, medições 3 e 4 na repetição 2 do local 1, medições 5 e 6 na repetição 1 do local 2, medições 7 e 8 na repetição 2 do local 2), com 2 plantas por parcela e um total de 16 Indivíduos (1 a 8 referentes à primeira planta em cada parcela e 9 a 16 referentes à segunda planta na parcela).

Observações	Progênie	Med-Rep-Loc	Parcela	Indivíduo	Interação	Local	Variável1	Variável2
1	1	1	11	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	12	2	12	1	8.5	0.14
3	1	2	11	1	11	1	8.6	0.54
4	2	2	12	2	12	1	1.6	2.40
5	1	3	21	3	11	1	10.4	0.35
6	2	3	22	4	12	1	8.7	0.14
7	1	4	21	3	11	1	8.8	0.54
8	2	4	22	4	12	1	1.7	2.50
9	1	5	31	5	21	2	10.5	0.35
10	2	5	32	6	22	2	8.9	0.14
11	1	6	31	5	21	2	8.1	0.54
12	2	6	32	6	22	2	1.8	2.60
13	1	7	41	7	21	2	10.6	0.35
14	2	7	42	8	22	2	8.1	0.14
15	1	8	41	7	21	2	8.2	0.54
16	2	8	42	8	22	2	1.9	2.70
17	1	1	11	9	11	1	10.5	0.35
18	2	1	12	10	12	1	8.9	0.14
19	1	2	11	9	11	1	8.1	0.54
20	2	2	12	10	12	1	1.8	2.40
21	1	3	21	11	11	1	10.6	0.35
22	2	3	22	12	12	1	8.1	0.14
23	1	4	21	11	11	1	8.2	0.54
24	2	4	22	12	12	1	1.9	2.50
25	1	5	31	13	21	2	8.5	0.35
26	2	5	32	14	22	2	8.6	0.14
27	1	6	31	13	21	2	1.6	0.54
28	2	6	32	14	22	2	10.4	2.60
29	1	7	41	15	21	2	8.7	0.35
30	2	7	42	16	22	2	8.8	0.14
31	1	8	41	15	21	2	1.7	0.54
32	2	8	42	16	22	2	10.5	2.70

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-progênie. Assim, o código 12 representa repetição 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação seqüencial de repetições na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo, parcelas de 1 a 8. A coluna Interação deve codificar combinações local- progênie. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vperm: variância dos efeitos permanentes.

Vint: variância da interação genótipos x locais.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c₂parc = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c₂perm = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.

c₂int = c₂₂: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais.

rgloc: correlação genotípica através dos locais.

r: repetibilidade individual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

7.4.2 Delineamento em Blocos Incompletos, Vários Locais e Várias Colheitas ou Safras (Modelo 73)

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_a + W_p + Q_s + T_i + S_b + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), s é o vetor dos efeitos de ambiente permanente (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais (aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e locais e ajusta simultaneamente para todos esses efeitos e suas interações. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições e locais. No vetor m , pode-se, alternativamente, contemplar-se apenas as medições. Neste caso, os efeitos de repetição e locais são automaticamente redistribuídos como efeitos aleatórios confundidos nos efeitos de blocos. De maneira geral, não há prejuízo com esse tipo de abordagem.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Genótipo Med/Rep/Loc Parcela Indivíduo Interação Bloco Local Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 medições e 2 repetições com 2 blocos incompletos em cada repetição, em 2 locais (medições 1 e 2 na repetição 1 do local 1, medições 3 e 4 na repetição 2 do local 1, medições 5 e 6 na repetição 1 do local 2, medições 7 e 8 na repetição 2 do local 2), com 2 plantas por parcela e um total de 32 Indivíduos (1 a 16 referentes à primeira planta em cada parcela e 17 a 32 referentes à segunda planta na parcela).

Observações	Genótipo	Med/Rep/Loc	Parcela	Indiv	Interação	Bloco	Local	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	1	11	1	1	10.3	0.35
2	2	1	12	2	12	1	1	8.5	0.14
3	3	1	13	3	13	2	1	8.6	0.54
4	4	1	14	4	14	2	1	1.6	2.40
5	1	2	11	1	11	1	1	10.4	0.35
6	2	2	12	2	12	1	1	8.7	0.14
7	3	2	13	3	13	2	1	8.8	0.54
8	4	2	14	4	14	2	1	1.7	2.50
9	1	3	21	5	11	3	1	10.5	0.35
10	2	3	22	6	12	3	1	8.9	0.14
11	3	3	23	7	13	4	1	8.1	0.54
12	4	3	24	8	14	4	1	1.8	2.60
13	1	4	21	5	11	3	1	10.6	0.35
14	2	4	22	6	12	3	1	8.1	0.14
15	3	4	23	7	13	4	1	8.2	0.54
16	4	4	24	8	14	4	1	1.9	2.70

segue

continuação

Observações	Genótipo	Med/Rep/Loc	Parcela	Indiv	Interação	Bloco	Local	Variável 1	Variável 2
17	1	5	31	9	21	5	2	10.3	0.35
18	2	5	32	10	22	5	2	8.5	0.14
19	3	5	33	11	23	6	2	8.6	0.54
20	4	5	34	12	24	6	2	1.6	2.40
21	1	6	31	9	21	5	2	10.4	0.35
22	2	6	32	10	22	5	2	8.7	0.14
23	3	6	33	11	23	6	2	8.8	0.54
24	4	6	34	12	24	6	2	1.7	2.50
25	1	7	41	13	21	7	2	10.5	0.35
26	2	7	42	14	22	7	2	8.9	0.14
27	3	7	43	15	23	8	2	8.1	0.54
28	4	7	44	16	24	8	2	1.8	2.60
29	1	8	41	13	21	7	2	10.6	0.35
30	2	8	42	14	22	7	2	8.1	0.14
31	3	8	43	15	23	8	2	8.2	0.54
32	4	8	44	16	24	8	2	1.9	2.70
33	1	1	11	17	11	1	1	10.3	0.35
34	2	1	12	18	12	1	1	8.5	0.14
35	3	1	13	19	13	2	1	8.6	0.54
36	4	1	14	20	14	2	1	1.6	2.40
37	1	2	11	17	11	1	1	10.4	0.35
38	2	2	12	18	12	1	1	8.7	0.14
39	3	2	13	19	13	2	1	8.8	0.54
40	4	2	14	20	14	2	1	1.7	2.50
41	1	3	21	21	11	3	1	10.5	0.35
42	2	3	22	22	12	3	1	8.9	0.14
43	3	3	23	23	13	4	1	8.1	0.54
44	4	3	24	24	14	4	1	1.8	2.60
45	1	4	21	21	11	3	1	10.6	0.35
46	2	4	22	22	12	3	1	8.1	0.14
47	3	4	23	23	13	4	1	8.2	0.54
48	4	4	24	24	14	4	1	1.9	2.70
49	1	5	31	25	21	5	2	10.3	0.35
50	2	5	32	26	22	5	2	8.5	0.14
51	3	5	33	27	23	6	2	8.6	0.54
52	4	5	34	28	24	6	2	1.6	2.40
53	1	6	31	25	21	5	2	10.4	0.35
54	2	6	32	26	22	5	2	8.7	0.14
55	3	6	33	27	23	6	2	8.8	0.54
56	4	6	34	28	24	6	2	1.7	2.50

segue

conclusão

Observações	Genótipo	Med/Rep/Loc	Parcela	Indiv	Interação	Bloco	Local	Variável 1	Variável 2
57	1	7	41	29	21	7	2	10.5	0.35
58	2	7	42	30	22	7	2	8.9	0.14
59	3	7	43	31	23	8	2	8.1	0.54
60	4	7	44	32	24	8	2	1.8	2.60
61	1	8	41	29	21	7	2	10.6	0.35
62	2	8	42	30	22	7	2	8.1	0.14
63	3	8	43	31	23	8	2	8.2	0.54
64	4	8	44	32	24	8	2	1.9	2.70

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-genótipo. Assim, o código 12 representa repetição 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando A2&C2, quando se tem a codificação de repetições na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo, parcelas de 1 a 16. A coluna interação é uma combinação das colunas local-genótipo. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local (combinação bloco-repetição-local).

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

V_{parc}: variância ambiental entre parcelas.

V_{perm}: variância dos efeitos permanentes.

V_{int}: variância da interação genótipos x locais.

V_{bloc}: variância ambiental entre blocos.

V_e: variância residual.

V_f: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c_{2parc} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c_{2perm} = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.

c_{2int} = c₂₂: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais.

c_{2bloc} = c₂₄: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

r: repetibilidade individual.

rgloc: correlação genotípica através dos locais.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

7.5 Avaliação em Várias Populações

Os experimentos em blocos completos para avaliação de várias populações e com avaliações realizadas ao nível de Indivíduos dentro de parcelas (gerando várias observações por parcela), podem ser analisados pelos seguintes modelos do Selegen:

§ Várias Populações, Progênes de Meios Irmãos em um Local: Modelo 5.

§ Várias Populações, Progênes de Meios Irmãos em Vários Locais: Modelo 14.

§ Várias Populações, sem Estrutura de Progênes em um Local: Modelo 24.

§ Várias Populações, Progênes de Meios Irmãos em um Local, Medidas Repetidas: Modelo 154.

No Selegen Windows, os modelos 5, 14 e 24 podem ser encontrados na caixa “Várias Populações ou Procedências” da tela principal. O modelo 154 pode ser encontrados na caixa “Repetibilidade e Dados Longitudinais”.

7.5.1 Blocos Completos, Várias Populações, Progênes de Meios Irmãos em um Local (Modelo 5)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + Ts + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), s é vetor dos efeitos de população ou procedência (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Desejando-se ajustar os efeitos de procedências como fixos e os efeitos de repetições como aleatórios pode-se proceder conforme descrito no tópico 21.11.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela População Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênes em cada uma de 2 populações, com 2 repetições e 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Parcela	População	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	2	8.5	0.14
3	2	1	2	1	1	8.6	0.54
4	2	1	2	1	2	8.7	0.94
5	1	2	3	1	1	12.4	0.25
6	1	2	3	1	2	5.2	0.34
7	2	2	4	1	1	5.3	0.74
8	2	2	4	1	2	5.4	0.11
9	3	1	5	2	1	10.7	0.55
10	3	1	5	2	2	8.5	0.14
11	4	1	6	2	1	8.2	0.42
12	4	1	6	2	2	8.7	0.94
13	3	2	7	2	1	17.4	0.35
14	3	2	7	2	2	8.2	0.34
15	4	2	8	2	1	5.3	0.64
16	4	2	8	2	2	5.9	0.18

As progênies devem ser codificadas com números diferentes para cada população. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vproc: variância genética entre populações ou procedências.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c_{2parc} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c_{2proc} = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos de populações.

CV_{gi}%: coeficiente de variação genética aditiva individual.

CV_{gp}%: coeficiente de variação genotípica entre progênies.

CV_e%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos. Adicionalmente são apresentados os valores genotípicos de populações ou procedências.

7.5.2 Blocos Completos, Várias Populações, Progênes de Meios Irmãos em Vários Locais: Modelo 14.

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + Qs + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (assumidos como aleatórios), s é o vetor dos efeitos de populações (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de procedências como fixos e os efeitos de repetições como aleatórios pode-se proceder conforme descrito no tópico 21.12.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela População Interação Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênes em 2 repetições em 2 populações em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2), com 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Parcela	População	Interação	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	11	2	8.5	0.14
3	2	1	2	1	12	1	8.6	0.54
4	2	1	2	1	12	2	1.6	2.40
5	3	1	3	2	13	1	10.4	0.35
6	3	1	3	2	13	2	8.7	0.14
7	4	1	4	2	14	1	8.8	0.54
8	4	1	4	2	14	2	1.7	2.50
9	1	2	5	1	11	1	10.5	0.35
10	1	2	5	1	11	2	8.9	0.14
11	2	2	6	1	12	1	8.1	0.54
12	2	2	6	1	12	2	1.8	2.60
13	3	2	7	2	13	1	10.6	0.35
14	3	2	7	2	13	2	8.1	0.14
15	4	2	8	2	14	1	8.2	0.54
16	4	2	8	2	14	2	1.9	2.70
17	1	3	9	1	21	1	10.3	0.35
18	1	3	9	1	21	2	8.5	0.14
19	2	3	10	1	22	1	8.6	0.54
20	2	3	10	1	22	2	1.6	2.40
21	3	3	11	2	23	1	10.4	0.35
22	3	3	11	2	23	2	8.7	0.14
23	4	3	12	2	24	1	8.8	0.54
24	4	3	12	2	24	2	1.7	2.50
25	1	4	13	1	21	1	10.5	0.35
26	1	4	13	1	21	2	8.9	0.14
27	2	4	14	1	22	1	8.1	0.54
28	2	4	14	1	22	2	1.8	2.60
29	3	4	15	2	23	1	10.6	0.35
30	3	4	15	2	23	2	8.1	0.14
31	4	4	16	2	24	1	8.2	0.54
32	4	4	16	2	24	2	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva, livre da interação genótipos x ambientes.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vproc: variância genotípica entre populações ou procedências.

Vint: variância da interação progênes x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c_{2parc} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c_{2proc} = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos de populações.

c_{2int} = c₂₂: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênes x ambientes.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho das progênes nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos. Adicionalmente são apresentados os valores genotípicos de populações ou procedências.

7.5.3 Blocos Completos, Várias Populações, sem Estrutura de Progênes, em um Local: Modelo 24.

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos de populações (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo População Repetição Parcela Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 populações em 2 repetições com 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	População	Repetição	Parcela	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	12.4	0.25
3	2	1	2	1	8.5	0.14
4	2	1	2	2	5.2	0.34
5	1	2	3	1	7.5	0.83
5	1	2	3	2	6.3	0.87
7	2	2	4	1	4.1	0.37
8	2	2	4	2	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

O programa solicita um valor de h^2_d , a herdabilidade aditiva individual dentro de populações. Este valor pode ser obtido de literatura, já que não é possível estimá-lo dos próprios dados experimentais nesse caso.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

V_g : variância genotípica entre populações.

V_{parc} : variância ambiental entre parcelas.

V_e : variância residual.

V_f : variância fenotípica individual.

$h^2_g = h^2$: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais de populações.

$c^2_{\text{parc}} = c^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

h^2_{mp} : herdabilidade da média de populações, assumindo sobrevivência completa.

Ac_{proc} : acurácia da seleção de populações, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos. Adicionalmente são apresentados os valores genotípicos de populações ou procedências.

7.5.4 Delineamento em Blocos Completos, Várias Populações e Várias Safras (Modelo 154)

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_a + W_p + T_s + Q_i + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição-local (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), s é vetor dos efeitos de ambiente permanente (aleatórios) e i é o vetor dos efeitos de populações (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para esses efeitos e suas interações. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Progênie Med-Repetição Parcela Indivíduo População Medição Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 medições e 2 repetições em 2 populações (medições 1 e 2 na repetição 1, medições 3 e 4 na repetição 2), com 2 plantas por parcela e um total de 16 Indivíduos (1 a 8 referentes à primeira planta em cada parcela e 9 a 16 referentes à segunda planta na parcela).

Observações	Progênie	Med-Rep	Parcela	Indivíduo	População	Med	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	1	1	1	10.3	0.35
2	2	1	12	2	1	1	8.5	0.14
3	1	2	11	1	1	2	8.6	0.54
4	2	2	12	2	1	2	1.6	2.40
5	1	3	21	3	1	1	10.4	0.35
6	2	3	22	4	1	1	8.7	0.14
7	1	4	21	3	1	2	8.8	0.54
8	2	4	22	4	1	2	1.7	2.50
9	3	1	13	5	2	1	10.5	0.35
10	4	1	14	6	2	1	8.9	0.14
11	3	2	13	5	2	2	8.1	0.54
12	4	2	14	6	2	2	1.8	2.60
13	3	3	23	7	2	1	10.6	0.35
14	4	3	24	8	2	1	8.1	0.14
15	3	4	23	7	2	2	8.2	0.54
16	4	4	24	8	2	2	1.9	2.70
17	1	1	11	9	1	1	10.3	0.35
18	2	1	12	10	1	1	8.5	0.14
19	1	2	11	9	1	2	8.6	0.54
20	2	2	12	10	1	2	1.6	2.40
21	1	3	21	11	1	1	10.4	0.35
22	2	3	22	12	1	1	8.7	0.14
23	1	4	21	11	1	2	8.8	0.54
24	2	4	22	12	1	2	1.7	2.50
25	3	1	13	13	2	1	10.5	0.35
26	4	1	14	14	2	1	8.9	0.14
27	3	2	13	13	2	2	8.1	0.54
28	4	2	14	14	2	2	1.8	2.60
29	3	3	23	15	2	1	10.6	0.35
30	4	3	24	16	2	1	8.1	0.14
31	3	4	23	15	2	2	8.2	0.54
32	4	4	24	16	2	2	1.9	2.70

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-progênie. Assim, o código 12 representa repetição 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação seqüencial de repetições na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo, parcelas de 1 a 8. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vperm: variância dos efeitos permanentes.

Vproc: variância genética entre populações ou procedências.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c2perm = c21: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.

c2proc = c22: coeficiente de determinação dos efeitos de populações ou procedências.

r: repetibilidade individual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos.

8 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNIES F3 DE PLANTAS AUTÓGAMAS OU S1 DE PLANTAS ALÓGAMAS – VÁRIAS OBSERVAÇÕES POR PARCELA

Nesse caso, tem-se as seguintes situações:

- § Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Linhagens Derivadas de um só Cruzamento ou População F2: Modelo 59
- § Avaliação em um Local sem Delineamento Experimental (ou em Blocos Aumentados), Linhagens Derivadas de um só Cruzamento ou População F2: Modelo 60
- § Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Linhagens Derivadas de Vários Cruzamentos ou Populações F2: Modelo 61

No Selegen Windows, os modelos 59, 60 e 61 podem ser encontrados na caixa "Famílias F3 ou S1" da tela principal.

8.1 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Linhagens Derivadas de um só Cruzamento ou População F2: Modelo 59

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Indivíduo Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições com 2 plantas (Indivíduos) por parcela.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Parcela	Indivíduo	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	12.4	0.25
3	2	1	2	1	8.5	0.14
4	2	1	2	2	5.2	0.34
5	1	2	3	1	7.5	0.83
5	1	2	3	2	6.3	0.87
7	2	2	4	1	4.1	0.37
8	2	2	4	2	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

V_a : variância genética entre famílias, equivalendo a variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando-se os componentes D1 e D2.

V_{parc} : variância ambiental entre parcelas.

V_e : variância residual.

V_f : variância fenotípica individual.

$h_{2a} = h_2$: herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, ou seja, equivale à herdabilidade no sentido restrito desde que ignorada a fração (1/4) da variância genética de dominância.

h_{2aj} : herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, ajustada para os efeitos de parcela.

$c_{2parc} = c_2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

h_{2mp} : herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa.

Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa.

h_{2ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela, desde que ignorada a fração (1/4) da variância genética de dominância.

$CV_{gi}\%$: coeficiente de variação genética aditiva individual, ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância.

$CV_e\%$: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Tanto a herdabilidade entre progênes quanto a herdabilidade dentro de progênes encontram-se inflacionadas pela fração (1/4) da variância genética de dominância. Isto não deverá afetar a seleção de indivíduos, visto que as duas herdabilidades são usadas no cômputo dos valores genéticos dos mesmos. Estando as duas inflacionadas pela mesma quantidade, a proporcionalidade entre elas não será muito afetada.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos. Apresenta-se também, ao final, a seleção de linhagens.

8.2 Avaliação em um Local sem Delineamento Experimental (ou em Blocos Aumentados), Linhagens Derivadas de um só Cruzamento ou População F2: Modelo 60

Nessa situação, as linhagens são semeadas em linhas, sem repetição. Mas existem certos estratos ambientais que podem funcionar como blocos. No caso, linhagens diferentes estarão nos blocos diferentes, mas algumas testemunhas poderão ser comuns aos vários blocos, como no delineamento em blocos aumentados. As avaliações são realizadas em nível de plantas.

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Identificação Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênes em 2 repetições.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Identificação	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	10.3	0.35
2	1	2	21	12.4	0.25
3	2	1	12	8.5	0.14
4	2	2	22	5.2	0.34

A coluna Identificação só é útil para identificar a planta no campo. Assim, o código 12 pode indicar indivíduo 1 da progênie 2. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética entre famílias, equivalendo a variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando-se os componentes D1 e D2.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, ou seja, equivale à herdabilidade no sentido restrito desde que ignorada a fração (1/4) da variância genética de dominância.

h2mp: herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênie, assumindo sobrevivência completa.

h2ad: herdabilidade aditiva dentro de parcela, desde que ignorada a fração (1/4) da variância genética de dominância.

CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual, ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Tanto a herdabilidade entre progênies quanto a herdabilidade dentro de progênies encontram-se inflacionadas pela fração (1/4) da variância genética de dominância. Isto não deverá afetar a seleção de indivíduos, visto que as duas herdabilidades são usadas no cômputo dos valores genéticos dos mesmos. Estando as duas inflacionadas pela mesma quantidade, a proporcionalidade entre elas não será muito afetada.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos. Apresenta-se também, ao final, a seleção de linhagens.

8.3 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Linhagens Derivadas de Vários Cruzamentos ou Populações F2: Modelo 61

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + Ts + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), s é vetor dos efeitos de população (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela População Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em cada uma de 2 populações, com 2 repetições e 2 plantas (árvores) por parcela.

Parcela	Progênie	Repetição	Parcela	População	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	2	8.5	0.14
3	2	1	2	1	1	8.6	0.54
4	2	1	2	1	2	8.7	0.94
5	1	2	3	1	1	12.4	0.25
6	1	2	3	1	2	5.2	0.34
7	2	2	4	1	1	5.3	0.74
8	2	2	4	1	2	5.4	0.11
9	3	1	5	2	1	10.7	0.55
10	3	1	5	2	2	8.5	0.14
11	4	1	6	2	1	8.2	0.42
12	4	1	6	2	2	8.7	0.94
13	3	2	7	2	1	17.4	0.35
14	3	2	7	2	2	8.2	0.34
15	4	2	8	2	1	5.3	0.64
16	4	2	8	2	2	5.9	0.18

As progênies devem ser codificadas com números diferentes para cada população. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética entre famílias, equivalendo a variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando-se os componentes D1 e D2.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vproc: variância genética entre populações.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2a = h2$: herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, ou seja, equivale à herdabilidade no sentido restrito desde que ignorada a fração (1/4) da variância genética de dominância.

$c2parc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$c2proc = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos de populações.

CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual, ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Tanto a herdabilidade entre progênies quanto a herdabilidade dentro de progênies encontram-se inflacionadas pela fração (1/4) da variância genética de dominância. Isto não deverá afetar a seleção de indivíduos, visto que as duas herdabilidades são usadas no cômputo dos valores genéticos dos mesmos. Estando as duas inflacionadas pela mesma quantidade, a proporcionalidade entre elas não será muito afetada.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos. Adicionalmente são apresentados os valores genotípicos de populações. Apresenta-se também, ao final, a seleção de linhagens. E mais ao final, a seleção de indivíduos e linhagens dentro de populações, ou seja, sem considerar as informações entre populações.

9 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNIES DE IRMÃOS GERMANOS DE PLANTAS ALÓGAMAS – VÁRIAS OBSERVAÇÕES POR PARCELA

Nesse caso, tem-se as seguintes situações:

- § Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso com Várias Plantas por Parcela: Modelo 147
- § Avaliação em Vários Locais no Delineamento de Blocos ao Acaso com Várias Plantas por Parcela: Modelo 148
- § Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso com Várias Plantas por Parcela, Análise com Covariável: Modelo 145

§ Avaliação em Vários Locais no Delineamento de Blocos ao Acaso com Várias Plantas por Parcela, Análise com Covariável: Modelo 146

No Selegen Windows, os modelos 147 e 148 podem ser encontrados na caixa “Modelos Mistos: Delineamentos Experimentais/Materiais Genéticos/Ambientes” da tela principal. Os modelos 145 e 146 podem ser encontrados na caixa “Modelos Mistos com Covariável”. Na opção apenas pelo BLUP na análise, a h^2 a ser informada refere-se à herdabilidade individual no sentido restrito multiplicada por 1/2.

9.1 Um Local e uma Safra, Blocos Completos (Modelo 147)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições com 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Parcela	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	12.4	0.25
3	2	1	2	1	8.5	0.14
4	2	1	2	2	5.2	0.34
5	1	2	3	1	7.5	0.83
5	1	2	3	2	6.3	0.87
7	2	2	4	1	4.1	0.37
8	2	2	4	2	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

V_g : variância genotípica entre progênies de irmãos germanos, equivalendo a (1/2) da variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando-se a epistasia.

V_{parc} : variância ambiental entre parcelas.

Vdentro: variância residual dentro de parcela.

Vf: variância fenotípica individual.

$h_{2a} = h_2$: herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância.

$c_{2\text{parc}} = c_2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$h_{2\text{mp}}$: herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa.

$h_{2\text{ad}}$: herdabilidade aditiva dentro de parcela, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

São apresentados 3 resultados de valores genéticos preditos:

- Seleção de clones potenciais no experimento, explorando toda a variação genotípica entre e dentro de progênies. Para cômputo da herdabilidade no sentido amplo dentro de progênies considerou-se dominância completa em uma população com nível intermediário de melhoramento.
- Seleção de cruzamentos ou progênies, explorando a variação genotípica total entre progênies.
- Seleção de genitores potenciais no experimento, explorando a variação genética aditiva entre e dentro de progênies. Tanto a herdabilidade entre progênies quanto a herdabilidade dentro de progênies encontram-se inflacionadas pela fração (1/4) da variância genética de dominância. Isto não deverá afetar a seleção de indivíduos, visto que as duas herdabilidades são usadas no cômputo dos valores genéticos dos mesmos. Estando as duas inflacionadas pela mesma quantidade, a proporcionalidade entre elas não será muito afetada.

9.2 Vários Locais e uma Safra, Blocos Completos (Modelo 148)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + Wp + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Esse modelo pode também ser utilizado para a seleção em plantios com sobra de mudas de progênes de irmãos germanos. Neste caso, as colunas no arquivo, referentes aos efeitos de parcela e interação devem ser substituídos por linhas e colunas do retângulo experimental.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Interação Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênes em 2 repetições em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2), com 2 plantas (árvores) por parcela.

Parcela	Progênie	Repetição	Parcela	Interação	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	1	1	1	11	2	8.5	0.14
3	2	1	2	12	1	8.6	0.54
4	2	1	2	12	2	8.7	0.94
5	1	2	3	11	1	12.4	0.25
6	1	2	3	11	2	5.2	0.34
7	2	2	4	12	1	5.3	0.74
8	2	2	4	12	2	5.4	0.11
9	1	3	5	21	1	10.7	0.55
10	1	3	5	21	2	8.5	0.14
11	2	3	6	22	1	8.2	0.42
12	2	3	6	22	2	8.7	0.94
13	1	4	7	21	1	17.4	0.35
14	1	4	7	21	2	8.2	0.34
15	2	4	8	22	1	5.3	0.64
16	2	4	8	22	2	5.9	0.18

A coluna Interação deve codificar combinações local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica entre progênes de irmãos germanos, equivalendo a (1/2) da variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando-se a epistasia.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Vdentro: variância residual dentro de parcela.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2a = h2$: herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância.

$c2_{\text{parc}} = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$c2_{\text{int}} = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

$h2_{\text{mp}}$: herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa.

Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa.

$h2_{\text{ad}}$: herdabilidade aditiva dentro de parcela, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância.

rg_{loc} : correlação genotípica entre o desempenho das progênes nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

São apresentados 3 resultados de valores genéticos preditos:

- Seleção de clones potenciais no experimento, explorando toda a variação genotípica entre e dentro de progênes. Para cômputo da herdabilidade no sentido amplo dentro de progênes considerou-se dominância completa em uma população com nível intermediário de melhoramento.
- Seleção de cruzamentos ou progênes, explorando a variação genotípica total entre progênes.
- Seleção de genitores potenciais no experimento, explorando a variação genética aditiva entre e dentro de progênes. Tanto a herdabilidade entre progênes quanto a herdabilidade dentro de progênes encontram-se inflacionadas pela fração (1/4) da variância genética de dominância. Isto não deverá afetar a seleção de indivíduos, visto que as duas herdabilidades são usadas no cômputo dos valores genéticos dos mesmos. Estando as duas inflacionadas pela mesma quantidade, a proporcionalidade entre elas não será muito afetada.

9.3 Um Local e uma Safra, Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 145)

Modelo Estatístico

$y = Xr + bCov + Zg + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente b refere-se à regressão associada à covariável Cov. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Árvore Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições com 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Parcela	Árvore	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	0	12.4	0.25
3	2	1	2	1	3	8.5	0.14
4	2	1	2	2	2	5.2	0.34
5	1	2	3	1	4	7.5	0.83
5	1	2	3	2	6	6.3	0.87
7	2	2	4	1	5	4.1	0.37
8	2	2	4	2	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica entre progênies de irmãos germanos, equivalendo a (1/2) da variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando-se a epistasia.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vdentro: variância residual dentro de parcela.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

h2mp: herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa.

h2ad: herdabilidade aditiva dentro de parcela, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

São apresentados 3 resultados de valores genéticos preditos:

- a) Seleção de clones potenciais no experimento, explorando toda a variação genotípica entre e dentro de progênes. Para cômputo da herdabilidade no sentido amplo dentro de progênes considerou-se dominância completa em uma população com nível intermediário de melhoramento.
- b) Seleção de cruzamentos ou progênes, explorando a variação genotípica total entre progênes.
- c) Seleção de genitores potenciais no experimento, explorando a variação genética aditiva entre e dentro de progênes. Tanto a herdabilidade entre progênes quanto a herdabilidade dentro de progênes encontram-se inflacionadas pela fração (1/4) da variância genética de dominância. Isto não deverá afetar a seleção de indivíduos, visto que as duas herdabilidades são usadas no cômputo dos valores genéticos dos mesmos. Estando as duas inflacionadas pela mesma quantidade, a proporcionalidade entre elas não será muito afetada.

9.4 Vários Locais e uma Safra, Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 146)

Modelo Estatístico

$y = Xr + bCov + Zg + Wp + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente b refere-se à regressão associada à covariável Cov . As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Interação Árvore Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênes em 2 repetições em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2), com 2 plantas (árvores) por parcela.

Parcela	Progênie	Repetição	Parcela	Interação	Árvore	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	11	2	3	8.5	0.14
3	2	1	2	12	1	2	8.6	0.54
4	2	1	2	12	2	4	8.7	0.94
5	1	2	3	11	1	5	12.4	0.25
6	1	2	3	11	2	6	5.2	0.34
7	2	2	4	12	1	1	5.3	0.74
8	2	2	4	12	2	3	5.4	0.11
9	1	3	5	21	1	4	10.7	0.55
10	1	3	5	21	2	8	8.5	0.14
11	2	3	6	22	1	0	8.2	0.42
12	2	3	6	22	2	2	8.7	0.94
13	1	4	7	21	1	3	17.4	0.35
14	1	4	7	21	2	4	8.2	0.34
15	2	4	8	22	1	6	5.3	0.64
16	2	4	8	22	2	4	5.9	0.18

A coluna Interação deve codificar combinações local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica entre progênies de irmãos germanos, equivalendo a (1/2) da variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando-se a epistasia.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Vdentro: variância residual dentro de parcelas.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

h2mp: herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa.

h2ad: herdabilidade aditiva dentro de parcela, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho das progênes nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

São apresentados 3 resultados de valores genéticos preditos:

- a) Seleção de clones potenciais no experimento, explorando toda a variação genotípica entre e dentro de progênes. Para cômputo da herdabilidade no sentido amplo dentro de progênes considerou-se dominância completa em uma população com nível intermediário de melhoramento.
- b) Seleção de cruzamentos ou progênes, explorando a variação genotípica total entre progênes.
- c) Seleção de genitores potenciais no experimento, explorando a variação genética aditiva entre e dentro de progênes. Tanto a herdabilidade entre progênes quanto a herdabilidade dentro de progênes encontram-se inflacionadas pela fração (1/4) da variância genética de dominância. Isto não deverá afetar a seleção de indivíduos, visto que as duas herdabilidades são usadas no cômputo dos valores genéticos dos mesmos. Estando as duas inflacionadas pela mesma quantidade, a proporcionalidade entre elas não será muito afetada.

10 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNES S1 DE PLANTAS COM SISTEMA REPRODUTIVO MISTO

Nesse caso, tem-se as seguintes situações:

- § Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênes de uma só População, Várias Plantas por Parcela: Modelo 107
- § Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênes de uma só População, Uma Planta por Parcela: Modelo 108
- § Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênes de Várias Populações, Várias Plantas por Parcela: Modelo 109

No Selegen Windows, os modelos 107, 108 e 109 podem ser encontrados na caixa "Sistema Reprodutivo Misto" da tela principal. Deve ser fornecida a taxa de autofecundação (S) praticada pela população ou espécie. Na opção apenas pelo BLUP na análise, a h2 a ser informada refere-se à herdabilidade individual no sentido restrito multiplicada por 3/2, ou seja, refere-se à herdabilidade individual total mostrada no REML.

10.1 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênes de uma só População, Várias Plantas por Parcela: Modelo 107

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Indivíduo Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênes em 2 repetições com 2 plantas (Indivíduos) por parcela.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Parcela	Indiv/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	12.4	0.25
3	2	1	2	1	8.5	0.14
4	2	1	2	2	5.2	0.34
5	1	2	3	1	7.5	0.83
5	1	2	3	2	6.3	0.87
7	2	2	4	1	4.1	0.37
8	2	2	4	2	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

V_g : variância genética entre famílias, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação.

V_{parc} : variância ambiental entre parcelas.

V_e : variância residual.

V_f : variância fenotípica individual.

$h^2_a = h^2$: herdabilidade individual total (usando $3/2$ da variância genética aditiva no numerador, quando $S = 0$) no sentido restrito.

$c^2_{parc} = c^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$h2mp$: herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa.

$Acprog$: acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa.

$h2ad$: herdabilidade aditiva dentro de parcela (usando 1/2 da variância genética aditiva no numerador, quando $S = 0$).

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos. Apresenta-se também, ao final, a seleção de linhagens.

10.2 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênes de uma só População, Uma Planta por Parcela: Modelo 108

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Identificação Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênes em 2 repetições.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Identificação	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	10.3	0.35
2	1	2	21	12.4	0.25
3	2	1	12	8.5	0.14
4	2	2	22	5.2	0.34

A coluna Identificação só é útil para identificar a planta no campo. Assim, o código 12 pode indicar indivíduo 1 da progênie 2. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg : variância genética entre famílias, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual total (usando 3/2 da variância genética aditiva no numerador, quando S = 0) no sentido restrito.

h_{2mp}: herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênie, assumindo sobrevivência completa.

h_{2ad}: herdabilidade aditiva dentro de parcela (usando 1/2 da variância genética aditiva no numerador, quando S = 0).

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos. Apresenta-se também, ao final, a seleção de linhagens.

10.3 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênies de Várias Populações, Várias Plantas por Parcela: Modelo 109

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + Ts + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), s é vetor dos efeitos de população (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela População Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em cada uma de 2 populações, com 2 repetições e 2 plantas (árvores) por parcela.

Parcela	Progênie	Repetição	Parcela	População	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	2	8.5	0.14
3	2	1	2	1	1	8.6	0.54
4	2	1	2	1	2	8.7	0.94
5	1	2	3	1	1	12.4	0.25
6	1	2	3	1	2	5.2	0.34
7	2	2	4	1	1	5.3	0.74
8	2	2	4	1	2	5.4	0.11
9	3	1	5	2	1	10.7	0.55
10	3	1	5	2	2	8.5	0.14
11	4	1	6	2	1	8.2	0.42
12	4	1	6	2	2	8.7	0.94
13	3	2	7	2	1	17.4	0.35
14	3	2	7	2	2	8.2	0.34
15	4	2	8	2	1	5.3	0.64
16	4	2	8	2	2	5.9	0.18

As progênie devem ser codificadas com números diferentes para cada população. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genética entre famílias, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vproc: variância genética entre populações.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual total (usando 3/2 da variância genética aditiva no numerador, quando S = 0) no sentido restrito.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c2proc = c21: coeficiente de determinação dos efeitos de populações.

h2ad: herdabilidade aditiva dentro de parcela (usando 1/2 da variância genética aditiva no numerador, quando S = 0).

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos. Adicionalmente são apresentados os valores genotípicos de populações. Apresenta-se também, ao final, a seleção de linhagens. E mais ao final, a seleção de indivíduos e linhagens dentro de populações, ou seja, sem considerar as informações entre populações.

11 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE PLANTAS COM SISTEMA REPRODUTIVO MISTO

Nesse caso, tem-se as seguintes situações:

- § Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênies de uma só População, Várias Plantas por Parcela: Modelo 110
- § Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênies de uma só População, Uma Planta por Parcela: Modelo 111
- § Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênies de Várias Populações, Várias Plantas por Parcela: Modelo 112

No Selegen Windows, os modelos 110, 111 e 112 podem ser encontrados na caixa "Sistema Reprodutivo Misto" da tela principal. Deve ser fornecida a taxa de autofecundação (S) praticada pela população ou espécie.

A abordagem biométrica utilizada refere-se àquela derivada por Resende, Vencovsky e Fernandes (1995) e usada por Vencovsky et al. (2001). Na opção apenas pelo BLUP na análise, a h^2 a ser informada refere-se à herdabilidade individual no sentido restrito multiplicada por $(1+S)^2/4$.

11.1 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênies de uma só População, Várias Plantas por Parcela: Modelo 110

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Indivíduo Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições com 2 plantas (Indivíduos) por parcela.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Parcela	Indiv/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	12.4	0.25
3	2	1	2	1	8.5	0.14
4	2	1	2	2	5.2	0.34
5	1	2	3	1	7.5	0.83
5	1	2	3	2	6.3	0.87
7	2	2	4	1	4.1	0.37
8	2	2	4	2	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genética entre famílias, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

h2mp: herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa.

h2ad: herdabilidade aditiva dentro de parcela.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos. Apresenta-se também, ao final, a seleção de linhagens ou progênies.

11.2 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênies de uma só População, Uma Planta por Parcela: Modelo 111

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos

como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Identificação Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições.

Indivíduo	Progênie	Repetição	Identificação	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	10.3	0.35
2	1	2	21	12.4	0.25
3	2	1	12	8.5	0.14
4	2	2	22	5.2	0.34

A coluna Identificação só é útil para identificar a planta no campo. Assim, o código 12 pode indicar indivíduo 1 da progênie 2. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genética entre famílias, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito.

h_{2mp}: herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênie, assumindo sobrevivência completa.

h_{2ad}: herdabilidade aditiva dentro de parcela.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos. Apresenta-se também, ao final, a seleção de linhagens ou progênies.

11.3 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênies de Várias Populações, Várias Plantas por Parcela: Modelo 112

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + Ts + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), s é vetor dos efeitos de população (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela População Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em cada uma de 2 populações, com 2 repetições e 2 plantas (árvores) por parcela.

Parcela	Progênie	Repetição	Parcela	População	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	2	8.5	0.14
3	2	1	2	1	1	8.6	0.54
4	2	1	2	1	2	8.7	0.94
5	1	2	3	1	1	12.4	0.25
6	1	2	3	1	2	5.2	0.34
7	2	2	4	1	1	5.3	0.74
8	2	2	4	1	2	5.4	0.11
9	3	1	5	2	1	10.7	0.55
10	3	1	5	2	2	8.5	0.14
11	4	1	6	2	1	8.2	0.42
12	4	1	6	2	2	8.7	0.94
13	3	2	7	2	1	17.4	0.35
14	3	2	7	2	2	8.2	0.34
15	4	2	8	2	1	5.3	0.64
16	4	2	8	2	2	5.9	0.18

As progênies devem ser codificadas com números diferentes para cada população. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genética entre famílias, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação.

V_{parc}: variância ambiental entre parcelas.

V_{proc}: variância genética entre populações.

V_e: variância residual.

V_f: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual total no sentido restrito.

c_{2parc} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c_{2proc} = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos de populações.

h_{2ad}: herdabilidade aditiva dentro de parcela.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos. Adicionalmente são apresentados os valores genotípicos de populações. Apresenta-se também, ao final, a seleção de linhagens e progênies. E mais ao final, a seleção de indivíduos e linhagens dentro de populações, ou seja, sem considerar as informações entre populações.

12 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNIES DE IRMÃOS GERMANOS OBTIDAS SOB CRUZAMENTOS FATORIAIS OU DIALÉLICOS INTERPOPULACIONAIS

Quanto à equivalência entre as análises dialélicas interpopulacionais e fatoriais interpopulacionais, tem-se para um híbrido:

a) Modelo de Gardner e Eberhart

$$Y = M_p + 0.5 (V_i + V_j) + H_m + H_i + H_j + S_{ij} + E, \text{ em que:}$$

M_p: média geral das 2 populações puras (não em cruzamento).

V_i e V_j: efeitos dos genitores das populações ou variedades puras i e j, respectivamente.

H_m: heterose média ou desvio entre a média das populações em cruzamento e a média das populações puras.

H_i e H_j: heterose (desvio entre a média do genitor em cruzamento e a média do genitor puro) dos genitores i e j, respectivamente.

S_{ij}: heterose específica envolvendo o cruzamento entre um genitor da população i e outro da população j.

E: erro aleatório.

b) Modelo de Griffing

$$Y = M_c + G_i + G_j + S_{ij} + E, \text{ em que:}$$

Mc: média de todos os Indivíduos em cruzamento.

Gi e Gj: efeito da capacidade geral de combinação dos Indivíduos i e j, respectivamente.

c) Equivalência entre os Modelos de Gardner e Eberhart e de Griffing

$$Mc = Mp + Hm;$$

$$Gi = 0.5 Vi + Hi$$

$$Gj = 0.5 Vj + Hj$$

$$Sij = Sij$$

d) Modelos usados pelo Selegen

$y_{ij} = u_c + a_i + a_j + d_{ij} + e$, em que a refere-se ao efeito genético aditivo e d refere-se ao efeito genético de dominância associado à família ij. Assim, o modelo do Selegen equivale ao modelo de Griffing, porém no nível genético e não fenotípico.

O modelo de Griffing é de efeitos fixos e portanto no nível fenotípico. Tal modelo usado no Selegen é adequado pois não se está usando os dados dos genitores puros, conforme exigido pelo modelo de Gardner e Eberhart.

Assim, as heteroses média (Hm), Hi e Hj do modelo de Gardner e Eberhart ficam distribuídas na média geral, efeito a_i e efeito a_j , respectivamente. Tais efeitos a_i e a_j são efeitos aditivos interpopulacionais e por isso contemplam esses efeitos heteróticos de hibridação.

12.1 Avaliação em um Local e em uma Safra

Os experimentos podem ser instalados nos delineamentos em blocos completos ou incompletos com uma ou com várias plantas por parcela. Os modelos do Selegen que podem ser usados nessa situação são:

- § Delineamento em Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Espécies Alógamas: Modelo 87.
- § Delineamento em Blocos Completos com Várias Plantas por Parcela, Espécies Alógamas: Modelo 88.
- § Delineamento em Blocos Incompletos (Látice) e Uma Planta por Parcela, Espécies Alógamas: Modelo 90.
- § Delineamento em Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Espécies Alógamas, Análise com Covariável: Modelo 140.
- § Delineamento em Blocos Completos e Várias Plantas por Parcela, Espécies Alógamas, Análise com Covariável: Modelo 139.
- § Delineamento em Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Avaliação de Linhagens Completamente Endogâmicas: Modelo 98.

No Selegen Windows, os modelos 87, 88, 90 e 98 podem ser encontrados na caixa “Fatoriais Interpopulacionais” da tela principal. Os modelos 139 e 140 podem ser encontrados na caixa “Modelos Mistos com Covariável”.

12.1.1 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Espécies Alógamas (Modelo 87)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zm + Wf + Tc + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, m é o vetor dos efeitos de genitores da população 1 ou população de machos (não necessariamente) (assumidos como aleatórios), f é o vetor dos efeitos aleatórios de genitores da população 2 ou população de fêmeas (não necessariamente), c é o vetor dos efeitos aleatórios da capacidade específica de combinação dos genitores da população 1 com os genitores da população 2, e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se empregar o modelo 90, seguindo a seqüência de colunas de tal modelo e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Machos Repetição Fêmeas Progênie Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições com 1 planta (árvores) por parcela.

Indivíduo	Machos	Repetição	Fêmeas	Progênie	Árvore	Variável1	Variável2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	2	2	1	12.4	0.25
3	2	1	1	3	1	8.5	0.14
4	2	1	2	4	1	5.2	0.34
5	1	2	1	1	1	7.5	0.83
6	1	2	2	2	1	6.3	0.87
7	2	2	1	3	1	4.1	0.37
8	2	2	2	4	1	5.2	0.34

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vgm: variância genética entre machos ou genitores da população 1 em cruzamento com a população 2, a qual estima (1/4) da variação genética aditiva correspondente.

Vgf: variância genética entre fêmeas ou genitores da população 2 em cruzamento com a população 1, a qual estima (1/4) da variação genética aditiva correspondente.

Va: variância genética aditiva média.

Vcec: variância da capacidade específica de combinação interpopulacional entre dois genitores, a qual estima (1/4) da variação genética de dominância correspondente.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2am = h2: herdabilidade individual no sentido restrito na população 1, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais.

h2af = c2: herdabilidade individual no sentido restrito na população 2, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais.

c2cec = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

h2dom: herdabilidade individual dos efeitos interpopulacionais de dominância.

h2a = h2: herdabilidade interpopulacional individual no sentido restrito, média para as duas populações.

h2g: herdabilidade interpopulacional individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

CVgp%: coeficiente de variação genotípica entre progênies.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

2. Componentes de Média (BLUP Individual)

Seleção de Machos

Ordem	Genitor	g	u+g	Ganho	Nova Média
1	2	0.0004	3.0110	0.0004	3.0110
2	3	0.0004	3.0110	0.0004	3.0110
3	4	0.0001	3.0105	0.0002	3.0108
4	1	-0.0006	3.0100	0.0000	3.0106

Seleção de Fêmeas

Ordem	Genitor	g	u+g	Ganho	Nova Média
1	8	0.0008	3.0115	0.0008	3.0115
2	6	0.0002	3.0109	0.0005	3.0112
3	5	0.0002	3.0108	0.0004	3.0110
4	7	-0.0002	3.0105	0.0003	3.0109
5	9	-0.0010	3.0096	0.0000	3.0106

Seleção pela CEC

Ordem	Genitor	g	u+g	Ganho	Nova Média
1	6	0.0018	3.0125	0.0018	3.0125
2	13	0.0018	3.0124	0.0018	3.0124
3	18	0.0009	3.0116	0.0015	3.0122
4	5	0.0009	3.0115	0.0014	3.0120

Seleção de Cruzamentos

Ordem	Cruzamento	Vgc	Nova Média
1	13	3.0136	3.0136
2	6	3.0131	3.0134
3	18	3.0123	3.0130
4	5	3.0121	3.0128

Seleção de Indivíduos

Ordem	Bloco	Família	Árvore	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	d	g
1	2	8	246	5.0000	0.0023	3.0130	0.0023	3.0130	0.0053	0.0076
2	1	8	209	5.0000	0.0023	3.0129	0.0023	3.0130	0.0051	0.0074
3	2	13	243	5.0000	0.0023	3.0129	0.0023	3.0129	0.0072	0.0095
4	3	8	278	5.0000	0.0023	3.0129	0.0023	3.0129	0.0050	0.0073

12.1.2 Blocos Completos com Várias Plantas por Parcela, Espécies Alógamas (Modelo 88)**Modelo Estatístico**

$y = Xr + Zm + Wf + Tc + Sp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, m é o vetor dos efeitos de genitores da população 1 ou população de machos (não necessariamente) (assumidos como aleatórios), f é o vetor dos efeitos genitores da população 2 ou população de fêmeas (não necessariamente) (aleatórios), c é o vetor dos efeitos da capacidade específica de combinação dos genitores da população 1 com os genitores da população 2 (aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Este modelo pode também ser usado no caso de cruzamentos entre linhagens completamente endogâmicas. Porém, os componentes V_{gm} e V_{gf} estimarão (1/2) da variação genética aditiva e não (1/4). E o componente V_{cec} estimará toda a variação genética de dominância e não apenas (1/4). Isto afetará também as estimativas de herdabilidade apresentadas. Os resultados referentes aos componentes de média (valores genéticos) continuarão corretos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados**Indivíduo Machos Repetição Fêmeas Progênie Parcela Árvore Variáveis**

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições com 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Machos	Repetição	Fêmeas	Progênie	Parcela	Árvore	Variável1	Variável2
1	1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	1	2	13.8	0.88
3	1	1	2	2	2	1	12.4	0.25
4	1	1	2	2	2	2	15.0	0.10
5	2	1	1	3	3	1	8.5	0.14
6	2	1	1	3	3	2	11.0	0.55
7	2	1	2	4	4	1	13.3	0.87
8	2	1	2	4	4	2	5.2	0.34
9	1	2	1	1	5	1	7.5	0.83
10	1	2	1	1	5	2	9.8	0.55
11	1	2	2	2	6	1	6.3	0.87
12	1	2	2	2	6	2	2.3	0.44
13	2	2	1	3	7	1	4.1	0.37
14	2	2	1	3	7	2	5.2	0.34
15	2	2	2	4	8	1	7.5	0.83
16	2	2	2	4	8	2	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vgm: variância genética entre machos ou genitores da população 1 em cruzamento com a população 2, a qual estima (1/4) da variação genética aditiva correspondente.

Vgf: variância genética entre fêmeas ou genitores da população 2 em cruzamento com a população 1, a qual estima (1/4) da variação genética aditiva correspondente.

Va: variância genética aditiva média.

Vcec: variância da capacidade específica de combinação interpopulacional entre dois genitores, a qual estima (1/4) da variação genética de dominância correspondente.

Vparc: variância entre parcelas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2am = h2: herdabilidade individual no sentido restrito na população 1, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais.

h_{2af} = c_2 : herdabilidade individual no sentido restrito na população 2, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais.

c_{2cec} = c_{21} : coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

h_{2dom} : herdabilidade individual dos efeitos interpopulacionais de dominância.

h_{2a} : herdabilidade interpopulacional individual no sentido restrito, média para as duas populações.

h_{2g} : herdabilidade interpopulacional individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c_{2parc} = c_{22} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$CV_{gp}\%$: coeficiente de variação genotípica entre progênies.

$CV_e\%$: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 12.1.1 são igualmente válidos.

Ganho genético com a Seleção Recorrente Recíproca

$$G_s = G_{sMachos} + G_{sFemeas}$$

12.1.3 Blocos Incompletos com Uma Planta por Parcela, Espécies Alógamas (Modelo 90)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zm + Wf + Tc + Sb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, m é o vetor dos efeitos de genitores da população 1 ou população de machos (não necessariamente) (assumidos como aleatórios), f é o vetor dos efeitos genitores da população 2 ou população de fêmeas (não necessariamente) (aleatórios), c é o vetor dos efeitos da capacidade específica de combinação dos genitores da população 1 com os genitores da população 2 (aleatórios), b é o vetor dos efeitos de bloco (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Este modelo pode também ser usado no caso de cruzamentos entre linhagens completamente endogâmicas. Porém, os componentes V_{gm} e V_{gf} estimarão (1/2) da variação genética aditiva e não (1/4). E o componente V_{cec} estimará toda a variação genética de dominância e não apenas (1/4). Isto afetará também as estimativas de herdabilidade apresentadas. Os resultados referentes aos componentes de média (valores genéticos) continuarão corretos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Machos Repetição Fêmeas Progênie Bloco Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições com 2 blocos por repetição e 1 planta (árvore) por parcela.

Indivíduo	Machos	Repetição	Fêmeas	Progênie	Bloco	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	2	2	1	1	13.8	0.88
3	2	1	1	3	2	1	12.4	0.25
4	2	1	2	4	2	1	15.0	0.10
5	1	2	1	1	3	1	8.5	0.14
6	1	2	2	2	3	1	11.0	0.55
7	2	2	1	3	4	1	13.3	0.87
8	2	2	2	4	4	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vgm: variância genética entre machos ou genitores da população 1 em cruzamento com a população 2, a qual estima (1/4) da variação genética aditiva correspondente.

Vgf: variância genética entre fêmeas ou genitores da população 2 em cruzamento com a população 1, a qual estima (1/4) da variação genética aditiva correspondente.

Va: variância genética aditiva média.

Vcec: variância da capacidade específica de combinação interpopulacional entre dois genitores, a qual estima (1/4) da variação genética de dominância correspondente.

Vbloc: variância entre parcelas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2am = h2: herdabilidade individual no sentido restrito na população 1, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais.

h2af = c2: herdabilidade individual no sentido restrito na população 2, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais.

c2cec = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

h2dom: herdabilidade individual dos efeitos interpopulacionais de dominância.

h2a: herdabilidade interpopulacional individual no sentido restrito, média para as duas populações.

h2g: herdabilidade interpopulacional individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2bloc = c22: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

CVgp%: coeficiente de variação genotípica entre progênies.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 12.1.1 são igualmente válidos.

12.1.4 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Cruzamento entre Linhagens Completamente Endogâmicas (Modelo 98)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zm + Wf + Tc + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, m é o vetor dos efeitos de genitores da população 1 ou população de machos (não necessariamente) (assumidos como aleatórios), f é o vetor dos efeitos genitores da população 2 ou população de fêmeas (não necessariamente), c é o vetor dos efeitos da capacidade específica de combinação dos genitores da população 1 com os genitores da população 2, e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Machos Repetição Fêmeas Progênie Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições com 1 planta (árvore) por parcela.

Indivíduo	Machos	Repetição	Fêmeas	Progênie	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	2	2	1	12.4	0.25
3	2	1	1	3	1	8.5	0.14
4	2	1	2	4	1	5.2	0.34
5	1	2	1	1	1	7.5	0.83
6	1	2	2	2	1	6.3	0.87
7	2	2	1	3	1	4.1	0.37
8	2	2	2	4	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vgm: variância genética entre machos ou genitores da população 1 em cruzamento com a população 2, a qual estima (1/2) da variação genética aditiva correspondente.

Vgf: variância genética entre fêmeas ou genitores da população 2 em cruzamento com a população 1, a qual estima (1/2) da variação genética aditiva correspondente.

Va: variância genética aditiva média.

Vcec: variância da capacidade específica de combinação interpopulacional entre dois genitores, a qual estima toda a variação genética de dominância correspondente.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2am = h2: herdabilidade individual no sentido restrito na população 1, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais.

h2af = c2: herdabilidade individual no sentido restrito na população 2, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais.

c2cec = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

h2dom: herdabilidade individual dos efeitos interpopulacionais de dominância.

h2a: herdabilidade interpopulacional individual no sentido restrito, média para as duas populações.

h2g: herdabilidade interpopulacional individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

CVgp%: coeficiente de variação genotípica entre progênies.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 12.1.1 são igualmente válidos, exceto pela seleção de indivíduos.

12.1.5 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Espécies Alógamas, Análise com Covariável (Modelo 140)

Modelo Estatístico

$y = Xr + bCov + Zm + Wf + Tc + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, m é o vetor dos efeitos de genitores da população 1 ou população de machos (não necessariamente) (assumidos como aleatórios), f é o vetor dos efeitos aleatórios de genitores da população 2 ou população de fêmeas (não necessariamente), c é o vetor dos efeitos aleatórios da capacidade específica de combinação dos genitores da população 1 com os genitores da população 2, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente b refere-se à regressão associada à covariável Cov . As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Este modelo pode também ser usado no caso de cruzamentos entre linhagens completamente endogâmicas. Porém, os componentes V_{gm} e V_{gf} estimarão (1/2) da variação genética aditiva e não (1/4). E o componente V_{cec} estimará toda a variação genética de dominância e não apenas (1/4). Isto afetará também as estimativas de herdabilidade apresentadas. Os resultados referentes aos componentes de média (valores genéticos) continuarão corretos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Machos Repetição Fêmeas Progênie Árvore Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições com 1 planta (árvores) por parcela.

Indivíduo	Machos	Repetição	Fêmeas	Progênie	Árvore	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	2	2	1	0	12.4	0.25
3	2	1	1	3	1	2	8.5	0.14
4	2	1	2	4	1	3	5.2	0.34
5	1	2	1	1	1	3	7.5	0.83
6	1	2	2	2	1	2	6.3	0.87
7	2	2	1	3	1	3	4.1	0.37
8	2	2	2	4	1	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

V_{gm} : variância genética entre machos ou genitores da população 1 em cruzamento com a população 2, a qual estima (1/4) da variação genética aditiva correspondente.

Vgf: variância genética entre fêmeas ou genitores da população 2 em cruzamento com a população 1, a qual estima (1/4) da variação genética aditiva correspondente.

Va: variância genética aditiva média.

Vcec: variância da capacidade específica de combinação interpopulacional entre dois genitores, a qual estima (1/4) da variação genética de dominância correspondente.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h_{2am} = h_2$: herdabilidade individual no sentido restrito na população 1, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais.

$h_{2af} = c_2$: herdabilidade individual no sentido restrito na população 2, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais.

$c_{2cec} = c_{21}$: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

h_{2dom} : herdabilidade individual dos efeitos interpopulacionais de dominância.

h_{2a} : herdabilidade interpopulacional individual no sentido restrito, média para as duas populações.

h_{2g} : herdabilidade interpopulacional individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

CVgp%: coeficiente de variação genotípica entre progênies.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 12.1.1 são igualmente válidos.

12.1.6 Blocos Completos com Várias Plantas por Parcela, Espécies Alógamas, Análise com Covariável (Modelo 139)

Modelo Estatístico

$y = Xr + bCov + Zm + Wf + Tc + Sp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, m é o vetor dos efeitos de genitores da população 1 ou população de machos (não necessariamente) (assumidos como aleatórios), f é o vetor dos efeitos genitores da população 2 ou população de fêmeas (não necessariamente) (aleatórios), c é

o vetor dos efeitos da capacidade específica de combinação dos genitores da população 1 com os genitores da população 2 (aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente b refere-se à regressão associada à covariável Cov. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Este modelo pode também ser usado no caso de cruzamentos entre linhagens completamente endogâmicas. Porém, os componentes Vgm e Vgf estimarão (1/2) da variação genética aditiva e não (1/4). E o componente Vcec estimará toda a variação genética de dominância e não apenas (1/4). Isto afetará também as estimativas de herdabilidade apresentadas. Os resultados referentes aos componentes de média (valores genéticos) continuarão corretos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Machos Repetição Fêmeas Progênie Parcela Árvore Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições com 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Machos	Repetição	Fêmeas	Progênie	Parcela	Árvore	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	1	2	0	13.8	0.88
3	1	1	2	2	2	1	2	12.4	0.25
4	1	1	2	2	2	2	3	15.0	0.10
5	2	1	1	3	3	1	3	8.5	0.14
6	2	1	1	3	3	2	2	11.0	0.55
7	2	1	2	4	4	1	3	13.3	0.87
8	2	1	2	4	4	2	1	5.2	0.34
9	1	2	1	1	5	1	0	7.5	0.83
10	1	2	1	1	5	2	2	9.8	0.55
11	1	2	2	2	6	1	3	6.3	0.87
12	1	2	2	2	6	2	3	2.3	0.44
13	2	2	1	3	7	1	2	4.1	0.37
14	2	2	1	3	7	2	3	5.2	0.34
15	2	2	2	4	8	1	1	7.5	0.83
16	2	2	2	4	8	2	5	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vgm: variância genética entre machos ou genitores da população 1 em cruzamento com a população 2, a qual estima (1/4) da variação genética aditiva correspondente.

Vgf: variância genética entre fêmeas ou genitores da população 2 em cruzamento com a população 1, a qual estima (1/4) da variação genética aditiva correspondente.

Va: variância genética aditiva média.

Vcec: variância da capacidade específica de combinação interpopulacional entre dois genitores, a qual estima (1/4) da variação genética de dominância correspondente.

Vparc: variância entre parcelas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h_{2am} = h_2$: herdabilidade individual no sentido restrito na população 1, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais.

$h_{2af} = c_2$: herdabilidade individual no sentido restrito na população 2, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais.

$c_{2cec} = c_{21}$: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

h_{2dom} : herdabilidade individual dos efeitos interpopulacionais de dominância.

h_{2a} : herdabilidade interpopulacional individual no sentido restrito, média para as duas populações.

h_{2g} : herdabilidade interpopulacional individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c_{2parc} = c_{22}$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

CVgp%: coeficiente de variação genotípica entre progênies.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 12.1.1 são igualmente válidos.

12.2 Avaliação em Vários Locais e em uma Safra

Os experimentos podem ser instalados nos delineamentos em blocos completos ou incompletos com uma ou com várias plantas por parcela. Os modelos do Selegen que podem ser usados nessa situação são:

§ Delineamento em Blocos Completos com Várias Plantas por Parcela, Espécies Alógamas: Modelo 89.

§ Delineamento em Blocos Incompletos (Látice) e Uma Planta por Parcela, Espécies Alógamas: Modelo 91.

No Selegen Windows, os modelos 89 e 91 podem ser encontrados na caixa "Fatoriais Interpopulacionais" da tela principal.

12.2.1 Blocos Completos com Várias Plantas por Parcela, Espécies Alógamas, Vários Locais (Modelo 89)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wi_a + Tc + Si_c + Qp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos de genitores de uma das populações (assumidos como aleatórios), i_a é o vetor dos efeitos da interação de genitores de uma das populações com locais (aleatórios), c é o vetor dos efeitos da capacidade específica de combinação (cec) dos genitores da população 1 com os genitores da população 2 (aleatórios), i_c é o vetor dos efeitos da interação da cec com locais (aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

No vetor c , o efeito da capacidade específica de combinação propriamente dita fica confundido com o efeito aditivo do genitor da outra população. Este modelo é adequado apenas para a seleção de genitores de uma das populações. Mas pode-se rodar 2 arquivos distintos, cada um contemplando os genitores de cada população. Assim, a seleção poderá se feita nas 2 populações. Isto é válido pois os efeitos de genitores de uma população não são correlacionados com os efeitos de genitores da outra população. Rodando-se nesse modelo pode-se também avaliar a significância dos efeitos de parcelas, progênies (que inclui a CEC) e interações com locais. Constatando-se não significâncias de alguns efeitos, modelos mais simples poderão ser ajustados, contemplando-se simultaneamente os vários efeitos significativos. Para essa análise final, os modelos genéricos de números 121 a 125 poderão ser usados. Ou mesmo os modelos 88 e 90, que fornecem também a seleção de progênies e de indivíduos podem ser utilizados, ajustando-se no lugar de parcelas ou blocos, a interação mais significativa.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genitores Repetição Interação_g Progênie Interação_c Parcela Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies, 2 genitores em 2 repetições com 2 plantas (árvores) por parcela, em 2 locais.

Indivíduo	Genitores	Repetição	Interação _g	Progênie	Interação _c	Parcela	Local	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	1	11	1	1	10.3	0.35
2	1	1	11	1	11	1	1	13.8	0.88
3	2	1	12	2	12	2	1	12.4	0.25
4	2	1	12	2	12	2	1	15.0	0.10
5	1	2	11	1	11	3	1	8.5	0.14
6	1	2	11	1	11	3	1	11.0	0.55
7	2	2	12	2	12	4	1	13.3	0.87
8	2	2	12	2	12	4	1	5.2	0.34
9	1	3	21	1	21	5	2	7.5	0.83
10	1	3	21	1	21	5	2	9.8	0.55
11	2	3	22	2	22	6	2	6.3	0.87
12	2	3	22	2	22	6	2	2.3	0.44
13	1	4	21	1	21	7	2	4.1	0.37
14	1	4	21	1	21	7	2	5.2	0.34
15	2	4	22	2	22	8	2	7.5	0.83
16	2	4	22	2	22	8	2	5.2	0.34

As colunas de interação devem codificar combinações local-genitor e local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. As colunas referentes às interações local-genitor e local-progênie são obviamente diferentes. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

V_a: variância genética entre genitores de uma das populações 1 em cruzamento com a outra, a qual estima (1/4) da variação genética aditiva correspondente.

V_{al}: variância da interação genitores de uma das populações com locais, a qual estima (1/4) da variação da interação genética aditiva com locais.

V_{fm}: variância do efeito de progênie, a qual estima (1/4) da variação genética de dominância confundida com (1/4) da variação genética aditiva da outra população.

V_{fml}: variância do efeito da interação progênie x locais.

V_{parc}: variância entre parcelas.

V_e: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito na população em questão em cruzamento com a população recíproca.

c2al = c2: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genitores de uma das populações com locais.

c2fm = c21: coeficiente de determinação dos efeitos de progênie.

c2fml = c22: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênie x locais.

c2parc = c24: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 12.1.1 são igualmente válidos. Porém, somente é apresentada a seleção de genitores.

12.2.2 Blocos Incompletos com Uma Planta por Parcela, Espécies Alógamas, Vários Locais (Modelo 91)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wi_a + Tc + Si_c + Qb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos de genitores de uma das populações (assumidos como aleatórios), i_a é o vetor dos efeitos da interação de genitores de uma das populações com locais (aleatórios), c é o vetor dos efeitos da capacidade específica de combinação (cec) dos genitores da população 1 com os genitores da população 2 (aleatórios), i_c é o vetor dos efeitos da interação da cec com locais (aleatórios), b é o vetor dos efeitos de bloco (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

No vetor c , o efeito da capacidade específica de combinação propriamente dita fica confundido com o efeito aditivo do genitor da outra população. Este modelo é adequado apenas para a seleção de genitores de uma das populações. Mas pode-se rodar 2 arquivos distintos, cada um contemplando os genitores de cada população. Assim, a seleção poderá se feita nas 2 populações. Isto é válido pois os efeitos de genitores de uma população não são correlacionados com os efeitos de genitores da outra população. Rodando-se nesse modelo pode-se também avaliar a significância dos efeitos de parcelas, progênie (que inclui a CEC) e interações com locais. Constatando-se não significâncias de alguns efeitos, modelos mais simples poderão ser ajustados, contemplando-se simultaneamente os vários efeitos significativos. Para essa análise final, os modelos genéricos de números 121 a 125 poderão ser usados. Ou mesmo os modelos 88 e 90, que fornecem também a seleção de progênie e de indivíduos podem ser utilizados, ajustando-se no lugar de parcelas ou blocos, a interação mais significativa.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genitores Repetição Interação_g Progênie Interação_c Bloco Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies, 2 genitores em 2 repetições com 2 plantas (árvores) por parcela, em 2 locais.

Indivíduo	Genitores	Repetição	Interação _g	Progênie	Interação _c	Bloco	Local	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	1	11	1	1	10.3	0.35
2	1	1	11	1	11	1	1	13.8	0.88
3	2	1	12	2	12	2	1	12.4	0.25
4	2	1	12	2	12	2	1	15.0	0.10
5	1	2	11	1	11	3	1	8.5	0.14
6	1	2	11	1	11	3	1	11.0	0.55
7	2	2	12	2	12	4	1	13.3	0.87
8	2	2	12	2	12	4	1	5.2	0.34
9	1	3	21	1	21	5	2	7.5	0.83
10	1	3	21	1	21	5	2	9.8	0.55
11	2	3	22	2	22	6	2	6.3	0.87
12	2	3	22	2	22	6	2	2.3	0.44
13	1	4	21	1	21	7	2	4.1	0.37
14	1	4	21	1	21	7	2	5.2	0.34
15	2	4	22	2	22	8	2	7.5	0.83
16	2	4	22	2	22	8	2	5.2	0.34

As colunas de Interação deve codificar combinações local-genitor e local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. As colunas referentes às interações local-genitor e local-progênie são obviamente diferentes. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética entre genitores de uma das populações 1 em cruzamento com a outra, a qual estima (1/4) da variação genética aditiva correspondente.

Val: variância da interação genitores de uma das populações com locais, a qual estima (1/4) da variação da interação genética aditiva com locais.

V_{fm}: variância do efeito de progênie, a qual estima (1/4) da variação genética de dominância confundida com (1/4) da variação genética aditiva da outra população.

V_{fml}: variância do efeito da interação progênie x locais.

V_{bloc}: variância entre blocos.

V_e: variância residual.

V_f: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito na população em questão em cruzamento com a população recíproca.

c_{2a1} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genitores de uma das populações com locais.

c_{2fm} = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos de progênie.

c_{2fml} = c₂₂: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênie x locais.

c_{2bloc} = c₂₄: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 12.1.1 são igualmente válidos. Os comentários apresentados no item 12.1.1 são igualmente válidos. Porém, somente é apresentada a seleção de genitores.

12.3 Avaliação em um Local e Várias Safras (Culturas Perenes)

O modelo do Selegen que pode ser usado nessa situação é:

§ Delineamento em Blocos Completos com Várias Plantas por Parcela, Espécies Alógamas: Modelo 100.

No Selegen Windows, o modelo 100 pode ser encontrado na caixa "Fatoriais Interpopulacionais" da tela principal.

12.3.1 Blocos Completos com Várias Plantas por Parcela, Espécies Alógamas, Um Local, Medidas Repetidas (Modelo 100)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zm + Wf + Tc + Qs + Sp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos das combinações repetição-medida (assumidos como fixos) somados à média geral, m é o vetor dos efeitos de genitores da população 1 ou população de machos (não necessariamente) (assumidos como aleatórios), f é o vetor dos efeitos genitores da população 2 ou população de fêmeas (não

necessariamente) (aleatórios), c é o vetor dos efeitos da capacidade específica de combinação dos genitores da população 1 com os genitores da população 2 (aleatórios), s é o vetor dos efeitos permanentes de indivíduo (aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Este modelo pode também ser usado no caso de cruzamentos entre linhagens completamente endogâmicas. Porém, os componentes V_{gm} e V_{gf} estimarão $(1/2)$ da variação genética aditiva e não $(1/4)$. E o componente V_{cec} estimará toda a variação genética de dominância e não apenas $(1/4)$. Isto afetará também as estimativas de herdabilidade apresentadas. Os resultados referentes aos componentes de média (valores genéticos) continuarão corretos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Machos Rep-Med Fêmeas Progênie Permanente Parcela Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições com 2 plantas (árvores) por parcela e 2 medições por indivíduo. A coluna Rep-Med contempla as duas repetições na medição 1 com os códigos 1 e 2 e as duas repetições na medição 2 com os códigos 3 e 4.

Observações	Machos	Rep-Med	Fêmeas	Progênie	Permanente	Parcela	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	2	1	2	13.8	0.88
3	1	1	2	2	3	2	1	12.4	0.25
4	1	1	2	2	4	2	2	15.0	0.10
5	2	1	1	3	5	3	1	8.5	0.14
6	2	1	1	3	6	3	2	11.0	0.55
7	2	1	2	4	7	4	1	13.3	0.87
8	2	1	2	4	8	4	2	5.2	0.34
9	1	2	1	1	9	5	1	7.5	0.83
10	1	2	1	1	10	5	2	9.8	0.55
11	1	2	2	2	11	6	1	6.3	0.87
12	1	2	2	2	12	6	2	2.3	0.44
13	2	2	1	3	13	7	1	4.1	0.37
14	2	2	1	3	14	7	2	5.2	0.34
15	2	2	2	4	15	8	1	7.5	0.83
16	2	2	2	4	16	8	2	5.2	0.34
17	1	3	1	1	1	1	1	10.3	0.35
18	1	3	1	1	2	1	2	13.8	0.88
19	1	3	2	2	3	2	1	12.4	0.25
20	1	3	2	2	4	2	2	15.0	0.10
21	2	3	1	3	5	3	1	8.5	0.14
22	2	3	1	3	6	3	2	11.0	0.55
23	2	3	2	4	7	4	1	13.3	0.87
24	2	3	2	4	8	4	2	5.2	0.34
25	1	4	1	1	9	5	1	7.5	0.83
26	1	4	1	1	10	5	2	9.8	0.55
27	1	4	2	2	11	6	1	6.3	0.87
28	1	4	2	2	12	6	2	2.3	0.44
29	2	4	1	3	13	7	1	4.1	0.37
30	2	4	1	3	14	7	2	5.2	0.34
31	2	4	2	4	15	8	1	7.5	0.83
32	2	4	2	4	16	8	2	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vgm: variância genética entre machos ou genitores da população 1 em cruzamento com a população 2, a qual estima (1/4) da variação genética aditiva correspondente.

Vgf: variância genética entre fêmeas ou genitores da população 2 em cruzamento com a população 1, a qual estima (1/4) da variação genética aditiva correspondente.

Vfm: variância da capacidade específica de combinação interpopulacional entre dois genitores, a qual estima (1/4) da variação genética de dominância correspondente.

Vperm: variância dos efeitos permanentes.

Vparc: variância entre parcelas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

c2m = h2: coeficiente de determinação dos efeitos de genitores da população 1.

c2f = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de genitores da população 2.

c2fm = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

c2perm = c22: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.

c2parc = c24: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

r: repetibilidade individual.

h2am: herdabilidade individual no sentido restrito na população 1, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais.

h2af: herdabilidade individual no sentido restrito na população 2, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais.

h2dom: herdabilidade individual dos efeitos interpopulacionais de dominância.

h2a: herdabilidade interpopulacional individual no sentido restrito, média para as duas populações.

h2g: herdabilidade interpopulacional individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 12.1.1 são igualmente válidos. Porém, não são apresentados resultados referentes à seleção de indivíduos.

13 AVALIAÇÃO DE CLONES APARENTADOS EM VÁRIAS REPETIÇÕES - UMA OBSERVAÇÃO POR PARCELA

Nessa situação, clones aparentados são avaliados em termos de comportamento médio em várias repetições. É considerada a genealogia amarrada à geração imediatamente anterior. Para tanto, além do arquivo de dados, é necessário o arquivo de pedigree dos clones.

13.1 Avaliação em um só Local e em uma só Safra

Os experimentos podem ser instalados nos delineamentos em blocos completos, ou incompletos (látice, alfa, blocos aumentados). As avaliações geralmente são realizadas ao nível de totais ou de médias por parcelas, gerando uma só observação por parcela. Os modelos do Selegen que podem ser usados nessa situação são:

- § Delineamento em Blocos Completos: Modelo 30.
- § Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelo 48.
- § Delineamento em Blocos Incompletos, Análise com Covariável: Modelo 143.

Uma análise com covariável para o delineamento de blocos completos pode ser realizada empregando-se o modelo 143, porém ajustando blocos como efeitos aleatórios e preenchendo-se a coluna de repetições com o número 1.

No Selegen Windows, os modelos 30, 48 e 143 podem ser encontrados na caixa “Clones Aparentados” da tela principal.

13.1.1 Blocos Completos (Modelo 30)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Zd + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios), d é o vetor dos efeitos genéticos de dominância (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se empregar o modelo 48, seguindo a seqüência de colunas de tal modelo e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observação Clone Repetição Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições.

Observação	Clone	Repetição	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	2	1	12.4	0.25
3	2	1	1	8.5	0.14
4	2	2	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

É também necessário o arquivo de pedigree com a seguinte seqüência: Clone Pai Mãe.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vd: variância genética de dominância.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c2d: herdabilidade individual dos efeitos de dominância.

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

h2mc: herdabilidade da média de clone, assumindo sobrevivência completa.

Acclon: acurácia da seleção de clones, assumindo ausência de perda de parcelas.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

2. Componentes de Média (BLUP Individual)

Seleção de Clones

Ordem	Clone	a	d	g	u+g	Ganho	Nova Média
1	187425	42.9033	21.3590	64.2623	120.3972	64.2623	120.3972
2	186155	38.9343	19.3830	58.3173	114.4521	61.2898	117.4246
3	108645	31.9876	24.8860	56.8736	113.0084	59.8177	115.9526
4	108696	35.9926	17.9186	53.9112	110.0460	58.3411	114.4759
5	185162	35.8203	17.8328	53.6531	109.7880	57.4035	113.5383

em que:

a: efeito aditivo predito.

d: efeito de dominância predito.

g: efeito genotípico predito.

u + g: média genotípica ou valores genotípicos.

Os valores genotípicos preditos, em conjunto com a estimativa SEP podem ser usados para a obtenção de intervalos de confiança dos valores genotípicos preditos por meio da expressão $(u + g) \pm t SEP$, que $t = 1.96$ é o valor tabelado da distribuição t de Student. Isto é realizado pelo Selegen e apresentado no arquivo com extensão .fam. Verificando-se a sobreposição desses intervalos de confiança pode-se inferir sobre comparações múltiplas entre genótipos baseando-se em seus valores genotípicos preditos. Esses resultados são apresentados abaixo, em que LIIC e LSIC referem-se aos limites inferior e superior do intervalo de confiança, respectivamente.

Ordem	Genótipo	u+g	LIIC	LSIC
1	133	5.2399	4.9821	5.4977
2	123	5.1238	4.8660	5.3817
3	119	4.9985	4.7406	5.2563
4	122	4.9773	4.7195	5.2351
5	124	4.9462	4.6883	5.2040

13.1.2 Blocos Incompletos (Modelo 48)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Zd + Wb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios), d é o vetor dos efeitos genéticos de dominância (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observação Clone Repetição Bloco Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 repetições e 4 blocos.

Observação	Clone	Repetição	Bloco	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
3	2	1	1	1	8.5	0.14
5	3	1	2	1	8.6	0.54
7	4	1	2	1	8.7	0.94
2	1	2	3	1	12.4	0.25
4	2	2	4	1	5.2	0.34
6	3	2	3	1	5.3	0.74
8	4	2	4	1	5.4	0.11

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição. É também necessário o arquivo de pedigree com a seguinte seqüência: Clone Pai Mãe.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vd: variância genética de dominância.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c2d: herdabilidade individual dos efeitos de dominância.

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2bloc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 13.1.1 são igualmente válidos.

13.1.3 Blocos Incompletos, Análise com Covariável (Modelo 143)

Modelo Estatístico

$y = Xr + \beta \text{ Cov} + Za + Zd + Wb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios), d é o vetor dos efeitos genéticos de dominância (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente β refere-se à regressão associada à covariável Cov. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observação Clone Repetição Bloco Obs/Parc Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 repetições e 4 blocos.

Observação	Clone	Repetição	Bloco	Obs/Parc	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
3	2	1	1	1	0	8.5	0.14
5	3	1	2	1	2	8.6	0.54
7	4	1	2	1	3	8.7	0.94
2	1	2	3	1	3	12.4	0.25
4	2	2	4	1	2	5.2	0.34
6	3	2	3	1	3	5.3	0.74
8	4	2	4	1	1	5.4	0.11

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição. É também necessário o arquivo de pedigree com a seguinte seqüência: Clone Pai Mãe.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vd: variância genética de dominância.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c2d: herdabilidade individual dos efeitos de dominância.

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2bloc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 13.1.1 são igualmente válidos.

13.2 Avaliação em Vários Locais (ou anos em Culturas Anuais) e em uma só Colheita ou Safra

Os experimentos em blocos completos, incompletos ou blocos aumentados, instalados em vários locais e com avaliações realizadas ao nível de totais ou de médias por parcelas (gerando uma só observação por parcela), podem ser analisados pelos seguintes modelos do Selegen:

§ Delineamento em Blocos Completos: Modelo 31.

§ Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelos 32.

§ Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice, Análise com Covariável: Modelo 144.

Uma análise com covariável para o delineamento de blocos completos pode ser realizada empregando-se o modelo 143, porém ajustando blocos como efeitos aleatórios e preenchendo-se a coluna de repetições com o número 1.

No Selegen Windows, os modelos 31, 32 e 144 podem ser encontrados na caixa "Clones Aparentados" da tela principal.

13.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelo 31)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Zd + Wi + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios), d é o vetor dos efeitos genéticos de dominância (assumidos como aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todos as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios pode-se empregar o modelo 32, seguindo a seqüência de colunas de tal modelo e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos nos vários locais.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observação Clone Repetição Interação Local Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2).

Observação	Clone	Repetição	Interação	Local	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	12	1	8.5	0.14
3	1	2	11	1	8.6	0.54
4	2	2	12	1	8.7	0.94
5	1	3	21	2	12.4	0.25
6	2	3	22	2	5.2	0.34
7	1	4	21	2	5.3	0.74
8	2	4	22	2	5.4	0.11

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando E2&B2, quando se tem a codificação de locais na coluna E e de genótipos na coluna B. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. É também necessário o arquivo de pedigree com a seguinte seqüência: Clone Pai Mãe.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vd: variância genética de dominância.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c2d: herdabilidade individual dos efeitos de dominância.

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2int = c2: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 13.1.1 são igualmente válidos.

13.2.2 Blocos Incompletos em Vários Locais (Modelo 32)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Zd + Wb + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos (assumidos como fixos) de repetição somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios), d é o vetor dos efeitos genéticos de dominância (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios basta preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições e de locais serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Clone Repetição Bloco Interação Local Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 repetições e 4 blocos em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2).

Observações	Clone	Repetição	Bloco	Interação	Local	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	1	12	1	8.5	0.14
3	3	1	2	13	1	8.6	0.54
4	4	1	2	14	1	1.6	2.40
5	1	2	3	11	1	10.4	0.35
6	2	2	3	12	1	8.7	0.14
7	3	2	4	13	1	8.8	0.54
8	4	2	4	14	1	1.7	2.50
9	1	3	5	21	2	10.5	0.35
10	2	3	5	22	2	8.9	0.14
11	3	3	6	23	2	8.1	0.54
12	4	3	6	24	2	1.8	2.60
13	1	4	7	21	2	10.6	0.35
14	2	4	7	22	2	8.1	0.14
15	3	4	8	23	2	8.2	0.54
16	4	4	8	24	2	1.9	2.70

A coluna interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando F2&B2, quando se tem a codificação de locais na coluna F e de genótipos na coluna B. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. É também necessário o arquivo de pedigree com a seguinte seqüência: Clone Pai Mãe.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vd: variância genética de dominância.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2a = h2$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

$c2d$: herdabilidade individual dos efeitos de dominância.

$h2g$: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2bloc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

$c2int = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

$rgloc$: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 13.1.1 são igualmente válidos.

13.2.3 Blocos Incompletos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 144)

Modelo Estatístico

$y = Xr + \beta Cov + Za + Zd + Wb + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios), d é o vetor dos efeitos genéticos de dominância (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente β refere-se à regressão associada à covariável Cov . As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios basta preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições e de locais serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Clone Repetição Bloco Interação Local Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 repetições e 4 blocos em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2).

Observações	Clone	Repetição	Bloco	Interação	Local	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	1	10.3	0.35
2	2	1	1	12	1	0	8.5	0.14
3	3	1	2	13	1	2	8.6	0.54
4	4	1	2	14	1	3	1.6	2.40
5	1	2	3	11	1	3	10.4	0.35
6	2	2	3	12	1	2	8.7	0.14
7	3	2	4	13	1	3	8.8	0.54
8	4	2	4	14	1	1	1.7	2.50
9	1	3	5	21	2	1	10.5	0.35
10	2	3	5	22	2	0	8.9	0.14
11	3	3	6	23	2	2	8.1	0.54
12	4	3	6	24	2	3	1.8	2.60
13	1	4	7	21	2	3	10.6	0.35
14	2	4	7	22	2	2	8.1	0.14
15	3	4	8	23	2	3	8.2	0.54
16	4	4	8	24	2	1	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando F2&B2, quando se tem a codificação de locais na coluna F e de genótipos na coluna B. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. É também necessário o arquivo de pedigree com a seguinte seqüência: Clone Pai Mãe.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra e de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e local.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vd: variância genética de dominância.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2a = h2$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

$c2d$: herdabilidade individual dos efeitos de dominância.

$h2g$: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2bloc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

$c2int = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

$rgloc$: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 13.1.1 são igualmente válidos.

13.3 Avaliação em um só Local e em Várias Colheitas ou Safras (Culturas Perenes)

Nessa situação, tem-se o caso de um experimento em blocos aumentados, associado a medidas repetidas em várias safras, com avaliações realizadas ao nível de totais ou de médias por parcelas em cada safra (gerando uma só observação por parcela em cada safra). O modelo do Selegen a ser utilizado é:

No Selegen Windows, o modelo 92 pode ser encontrado na caixa “Clones Aparentados” da tela principal.

13.3.1 Blocos Aumentados em Várias Safras (Modelo 92)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Zd + Wb + Tp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios), d é o vetor dos efeitos genéticos de dominância (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todas as safras (ajusta combinações repetição-medição). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de medições e de repetições sua interação. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes safras.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de medições como aleatórios basta preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições e de medições serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Clone Repetição Bloco Parcela Repetição Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 repetições e 4 blocos, com 2 medições em cada parcela (med-rep 1 e 2 referente à primeira medição nas repetições 1 e 2 e med-rep 3 e 4 referente à segunda medição nas repetições 1 e 2).

Observações	Clone	Med-Rep	Bloco	Parcela	Repetição	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	1	12	1	8.5	0.14
3	3	1	2	13	1	8.6	0.54
4	4	1	2	14	1	1.6	2.40
5	1	2	3	21	2	10.4	0.35
6	2	2	3	22	2	8.7	0.14
7	3	2	4	23	2	8.8	0.54
8	4	2	4	24	2	1.7	2.50
9	1	3	5	11	1	10.5	0.35
10	2	3	5	12	1	8.9	0.14
11	3	3	6	13	1	8.1	0.54
12	4	3	6	14	1	1.8	2.60
13	1	4	7	21	2	10.6	0.35
14	2	4	7	22	2	8.1	0.14
15	3	4	8	23	2	8.2	0.54
16	4	4	8	24	2	1.9	2.70

A coluna Parcela deve codificar combinações repetição-genótipo. Assim, o código 12 representa repetição 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando F2&B2, quando se tem a codificação de repetição na coluna F e de genótipos na coluna B. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. É também necessário o arquivo de pedigree com a seguinte seqüência: Clone Pai Mãe.

A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vd: variância genética de dominância.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vperm: variância de ambiente permanente (parcela).

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c_{2d}: herdabilidade individual dos efeitos de dominância.

h_{2g}: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

r: repetibilidade individual.

c_{2b} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

c_{2perm} = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente (parcela).

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 13.1.1 são igualmente válidos.

14 AVALIAÇÃO DE CLONES APARENTADOS EM VÁRIAS REPETIÇÕES - VÁRIAS OBSERVAÇÕES POR PARCELA

Nessa situação, clones aparentados são avaliados em termos de comportamento médio em várias repetições. É considerada a genealogia amarrada à geração imediatamente anterior. Para tanto, além do arquivo de dados, é necessário o arquivo de pedigree dos clones.

14.1 Avaliação em um só Local e em uma só Colheita ou Safra

Os experimentos podem ser instalados nos delineamentos em blocos completos, ou incompletos (látice, alfa, blocos aumentados). A tomada de dados é realizada ao nível de indivíduos dentro de parcelas, gerando várias observações por parcela. Os modelos do Selegen que podem ser usados nessa situação são:

§ Delineamento em Blocos Completos: Modelo 47.

§ Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice: Modelo 49.

§ Delineamento em Blocos Completos, Análise com Covariável: Modelo 141.

Uma análise com covariável para o delineamento de blocos incompletos pode ser realizada empregando-se o modelo 142, porém ajustando blocos no lugar da coluna de interação.

No Selegen Windows, os modelos 47, 49 e 141 podem ser encontrados na caixa “Clones Aparentados” da tela principal.

14.1.1 Blocos Completos (Modelo 47)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Zd + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios), d é o vetor dos efeitos genéticos de dominância (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (assumidos como aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se empregar o modelo 49, seguindo a seqüência de colunas de tal modelo e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Clone Repetição Parcela Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições com 2 plantas por parcela.

Indivíduo	Clone	Repetição	Parcela	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	12.4	0.25
3	2	1	2	1	8.5	0.14
4	2	1	2	2	5.2	0.34
5	1	2	3	1	7.5	0.83
5	1	2	3	2	6.3	0.87
7	2	2	4	1	4.1	0.37
8	2	2	4	2	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. É também necessário o arquivo de pedigree com a seguinte seqüência: Clone Pai Mãe.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vd: variância genética de dominância.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c2d: herdabilidade individual dos efeitos de dominância.

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 13.1.1 são igualmente válidos.

14.1.2 Blocos Incompletos (Modelo 49)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Zd + Wp + Tb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios), d é o vetor dos efeitos genéticos de dominância (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Clone Repetição Parcela Bloco Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos em 2 repetições e 4 blocos, com 2 plantas por parcela.

Indivíduo	Clone	Repetição	Parcela	Bloco	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
3	1	1	1	1	2	8.5	0.14
5	2	1	2	1	1	8.6	0.54
7	2	1	2	1	2	8.7	0.94
2	3	1	3	2	1	12.4	0.25
4	3	1	3	2	2	5.2	0.34
6	4	1	4	2	1	5.3	0.74
8	4	1	4	2	2	5.4	0.11
9	1	2	5	3	1	12.3	0.55
10	1	2	5	3	2	8.5	0.14
11	2	2	6	3	1	7.6	0.64
12	2	2	6	3	2	8.7	0.74
13	3	2	7	4	1	10.4	0.25
14	3	2	7	4	2	5.2	0.34
15	4	2	8	4	1	5.3	0.54
16	4	2	8	4	2	3.4	0.13

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição. É também necessário o arquivo de pedigree com a seguinte seqüência: Clone Pai Mãe.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vd: variância genética de dominância.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c2d: herdabilidade individual dos efeitos de dominância.

$h2g$: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2bloc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

$c2parc = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 13.1.1 são igualmente válidos.

14.1.3 Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 141)

Modelo Estatístico

$y = Xr + bCov + Za + Zd + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios), d é o vetor dos efeitos genéticos de dominância (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente b refere-se à regressão associada à covariável Cov . As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Clone Repetição Parcela Obs/Parc Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições com 2 plantas por parcela.

Indivíduo	Clone	Repetição	Parcela	Obs/Parc	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	0	12.4	0.25
3	2	1	2	1	2	8.5	0.14
4	2	1	2	2	3	5.2	0.34
5	1	2	3	1	3	7.5	0.83
5	1	2	3	2	2	6.3	0.87
7	2	2	4	1	3	4.1	0.37
8	2	2	4	2	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. É também necessário o arquivo de pedigree com a seguinte seqüência: Clone Pai Mãe.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vd: variância genética de dominância.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c_{2d}: herdabilidade individual dos efeitos de dominância.

h_{2g}: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c_{2parc} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 13.1.1 são igualmente válidos.

14.2 Avaliação em Vários Locais e em uma só Colheita ou Safra

Nessa situação, podem ser usados os seguintes modelos do Selegen:

Delineamento em Blocos Completos: Modelo 50.

Delineamento em Blocos Completos, Análise com Covariável: Modelo 142.

No Selegen Windows, os modelos 50 e 142 podem ser encontrados na caixa “Clones Aparentados” da tela principal.

14.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelo 50)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Zd + Wp + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios), d é o vetor dos efeitos genéticos de dominância (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genótipo Repetição Parcela Interação Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2), com 2 plantas por parcela.

Parcela	Genótipo	Repetição	Parcela	Interação	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	1	1	1	11	2	8.5	0.14
3	2	1	2	12	1	8.6	0.54
4	2	1	2	12	2	8.7	0.94
5	1	2	3	11	1	12.4	0.25
6	1	2	3	11	2	5.2	0.34
7	2	2	4	12	1	5.3	0.74
8	2	2	4	12	2	5.4	0.11
9	1	3	5	21	1	10.7	0.55
10	1	3	5	21	2	8.5	0.14
11	2	3	6	22	1	8.2	0.42
12	2	3	6	22	2	8.7	0.94
13	1	4	7	21	1	17.4	0.35
14	1	4	7	21	2	8.2	0.34
15	2	4	8	22	1	5.3	0.64
16	2	4	8	22	2	5.9	0.18

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vd: variância genética de dominância.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c2d: herdabilidade individual dos efeitos de dominância.

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c2int = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 13.1.1 são igualmente válidos.

14.2.2 Blocos Completos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 142)

Modelo Estatístico

$y = Xr + bCov + Za + Zd + Wp + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios), d é o vetor dos efeitos genéticos de dominância (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente b refere-se à regressão associada à covariável Cov . As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genótipo Repetição Parcela Interação Obs/Parc Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2), com 2 plantas por parcela.

Parcela	Genótipo	Repetição	Parcela	Interação	Obs/Parc	Covariável	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	11	2	0	8.5	0.14
3	2	1	2	12	1	2	8.6	0.54
4	2	1	2	12	2	3	8.7	0.94
5	1	2	3	11	1	3	12.4	0.25
6	1	2	3	11	2	2	5.2	0.34
7	2	2	4	12	1	3	5.3	0.74
8	2	2	4	12	2	1	5.4	0.11
9	1	3	5	21	1	1	10.7	0.55
10	1	3	5	21	2	0	8.5	0.14
11	2	3	6	22	1	2	8.2	0.42
12	2	3	6	22	2	3	8.7	0.94
13	1	4	7	21	1	3	17.4	0.35
14	1	4	7	21	2	4	8.2	0.34
15	2	4	8	22	1	3	5.3	0.64
16	2	4	8	22	2	2	5.9	0.18

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vd: variância genética de dominância.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vint: variância da interação genótipos x ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c2d: herdabilidade individual dos efeitos de dominância.

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$c_{2int} = c_{21}$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

rg_{loc} : correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

Beta: coeficiente de regressão associado à covariável.

Média Cov: Média da covariável.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 13.1.1 são igualmente válidos.

15 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNIES DE IRMÃOS GERMANOS OBTIDAS SOB CRUZAMENTOS FATORIAIS OU DIALÉLICOS INTRAPOPULACIONAIS – UMA PLANTA POR PARCELA

15.1 Avaliação em um Local e em uma Safra

Para experimentos instalados nos delineamentos em blocos completos ou incompletos com uma planta por parcela, os modelos do Selegen que podem ser usados nessa situação são:

§ Delineamento em Blocos Completos, Espécies Alógamas, Genitores não Aparentados: Modelo 36.

§ Delineamento em Blocos Incompletos, Espécies Alógamas, Genitores não Aparentados: Modelo 35.

§ Delineamento em Blocos Completos, Espécies Alógamas, Genitores Aparentados: Modelo 43.

§ Delineamento em Blocos Incompletos, Espécies Alógamas, Genitores Aparentados: Modelo 42.

No Selegen Windows, os modelos 35 e 36 podem ser encontrados na caixa “Dialélicos – Genitores não Aparentados” da tela principal. Os modelos 43 e 42 podem ser encontrados na caixa “Dialélicos – Genitores Aparentados” da tela principal.

15.1.1 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 36)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wf + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), f é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se empregar o modelo 35, seguindo a seqüência de colunas de tal modelo e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Pai Mãe Repetição Progênie Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições com 1 planta (árvore) por parcela.

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vfam: variância da capacidade específica de combinação ou variância genética de dominância entre famílias de irmãos germanos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito no bloco, ou seja, dos efeitos aditivos.

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2fam = c2: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

2. Componentes de Média (BLUP Individual)

Seleção de Cruzamentos

Ordem	Cruzamento	Vgc	Nova Média
1	1	67.5921	67.5921
2	5	66.7146	67.1534
3	8	66.2472	66.8513
4	9	64.7689	66.3307
5	21	63.1097	65.6865

Efeitos CEC

Código	Efeito
2	4.3249
10	-0.0369
17	-5.3322
3	-2.6962
12	5.0824

Seleção de Indivíduos

Ordem	Bloco	Família	Árvore	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	d	g
1	1	13	46	138.5500	18.0417	71.6893	18.0417	71.6893	90.4220	108.4637
2	1	22	103	120.3400	16.0459	69.6934	17.0438	70.6913	74.0002	90.0460
3	1	9	103	111.0900	12.7448	66.3923	15.6108	69.2583	58.2999	71.0447
4	1	4	47	100.1600	12.4098	66.0573	14.8105	68.4581	44.2845	56.6942
5	1	8	46	90.1800	11.7997	65.4472	14.2084	67.8559	29.8550	41.6547

Vgc refere-se ao valor genotípico do cruzamento e a descrição dos demais elementos pode ser encontrada no tópico 4.1.1.

15.1.2 Blocos Incompletos e Uma Planta por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 35)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wf + Sb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), f é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (aleatórios), b é o vetor dos efeitos de bloco (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Pai Mãe Repetição Bloco Progênie Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições com 2 blocos por repetição e 1 planta (árvore) por parcela.

Indivíduo	Pai	Mãe	Repetição	Bloco	Progênie	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	2	1	1	2	1	13.8	0.88
3	2	1	1	2	3	1	12.4	0.25
4	2	2	1	2	4	1	15.0	0.10
5	1	1	2	3	1	1	8.5	0.14
6	1	2	2	3	2	1	11.0	0.55
7	2	1	2	4	3	1	13.3	0.87
8	2	2	2	4	4	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vbloc: variância entre blocos.

Vfam: variância da capacidade específica de combinação ou variância genética de dominância entre famílias de irmãos germanos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito no bloco, ou seja, dos efeitos aditivos.

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2bloc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

c2fam = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 15.1.1 são igualmente válidos. Porém, ao final do arquivo, são apresentados resultados referentes aos BLUPIS de família e de parcela, conforme desenvolvido por Resende e Barbosa (2006).

BLUPIS de Família

Ordem	Cruzamento	g Relativo
1	108	1.000
2	46	0.8003
3	39	0.7315
4	38	0.7311
5	107	0.7109

Valores Genotípicos de Parcela

Ordem	Parcela	Família	Bloco	VG
1	405	103	22	0.0048
2	92	75	5	0.0046
3	247	46	13	0.0040
4	70	110	4	0.0038
5	332	96	18	0.0037

15.1.3 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Genitores Aparentados (Modelo 43)

Esse modelo segue exatamente conforme descrito no item 15.1.1 porém necessita de um arquivo adicional, de pedigree, com a seguinte Seqüência de colunas: Genitor, Pai, Mãe. Ao final do arquivo de resultados, são apresentados resultados referentes aos BLUPIS de família e de parcela, conforme desenvolvido por Resende e Barbosa (2006) e apresentado no item 15.1.2.

15.1.4 Blocos Incompletos e Uma Planta por Parcela, Genitores Aparentados (Modelo 42)

Esse modelo segue exatamente conforme descrito no item 15.1.2 porém necessita de um arquivo adicional, de pedigree, com a seguinte Seqüência de colunas: Genitor, Pai, Mãe.

15.2 Avaliação em Vários Locais e em uma Colheita ou Safra

Para experimentos instalados nos delineamentos em blocos completos ou incompletos com uma planta por parcela, os modelos do Selegen que podem ser usados nessa situação são:

- § Delineamento em Blocos Completos, Espécies Alógamas, Genitores não Aparentados: Modelo 34.
- § Delineamento em Blocos Incompletos, Espécies Alógamas, Genitores não Aparentados: Modelo 39.

§ Delineamento em Blocos Completos, Espécies Alógamas, Genitores Aparentados: Modelo 41.

§ Delineamento em Blocos Incompletos, Espécies Alógamas, Genitores Aparentados: Modelo 46.

No Selegen Windows, os modelos 34 e 39 podem ser encontrados na caixa “Dialélicos – Genitores não Aparentados” da tela principal. Os modelos 41 e 46 podem ser encontrados na caixa “Dialélicos – Genitores Aparentados” da tela principal.

15.2.1 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores não Aparentados (Modelo 34)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wi_f + Tf + Si_a + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios), i_f é o vetor dos efeitos da interação dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos com locais (aleatórios), f é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (aleatórios), i_a é o vetor dos efeitos da interação dos efeitos genéticos aditivos com locais (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Local Indivíduo Pai Mãe Repetição Interação_r Progênie Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies, 4 genitores em 2 repetições por local com 1 planta (árvore) por parcela, em 2 locais.

Local	Indivíduo	Pai	Mãe	Repetição	Interação _r	Progênie	Arv/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	3	1	11	1	1	10.3	0.35
1	2	1	4	1	12	2	1	13.8	0.88
1	3	2	3	1	13	3	1	12.4	0.25
1	4	2	4	1	14	4	1	15.0	0.10
1	5	1	3	2	11	1	1	8.5	0.14
1	6	1	4	2	12	2	1	11.0	0.55
1	7	2	3	2	13	3	1	13.3	0.87
1	8	2	4	2	14	4	1	5.2	0.34
2	9	1	3	3	21	1	1	7.5	0.83
2	10	1	4	3	22	2	1	9.8	0.55
2	11	2	3	3	23	3	1	6.3	0.87
2	12	2	4	3	24	4	1	2.3	0.44
2	13	1	3	4	21	1	1	4.1	0.37
2	14	1	4	4	22	2	1	5.2	0.34
2	15	2	3	4	23	3	1	7.5	0.83
2	16	2	4	4	24	4	1	5.2	0.34

A coluna de Interação deve codificar combinações local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&G2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna G. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vint(d): variância da interação capacidade específica de combinação x locais.

Vfam: variância da capacidade específica de combinação ou variância genética de dominância entre famílias de irmãos germanos.

Vint (a): variância da interação dos efeitos aditivos com ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito no bloco, ou seja, dos efeitos aditivos.

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2int (d) = c2: coeficiente de determinação dos efeitos da interação capacidade específica de combinação x locais.

c2fam = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

c2int (a) = c23: coeficiente de determinação dos efeitos da interação dos efeitos aditivos com ambientes.

rgloc: correlação genotípica das progênies de irmãos germanos através dos locais.

Média Geral.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 15.1.1 são igualmente válidos. Adicionalmente são apresentados os valores genéticos em cada local.

15.2.2 Blocos Incompletos e Uma Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores não Aparentados (Modelo 39)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wi_f + Tf + Qb + Si_a + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (aleatórios), f é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (aleatórios), i_f é o vetor dos efeitos da interação dos efeitos de dominância

de família de irmãos germanos com locais (aleatórios), i_a é o vetor dos efeitos da interação dos efeitos genéticos aditivos com locais (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Local Indivíduo Pai Mãe Repetição Interação_f Progênie Bloco Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies, 4 genitores em 2 repetições por local com 1 planta (árvore) por parcela, em 2 locais.

Local	Indivíduo	Pai	Mãe	Repetição	Interação _f	Progênie	Bloco	Arv/Parc	Var 1	Var 2
1	1	1	3	1	11	1	1	1	10.3	0.35
1	2	1	4	1	12	2	1	1	13.8	0.88
1	3	2	3	1	13	3	2	1	12.4	0.25
1	4	2	4	1	14	4	2	1	15.0	0.10
1	5	1	3	2	11	1	3	1	8.5	0.14
1	6	1	4	2	12	2	3	1	11.0	0.55
1	7	2	3	2	13	3	4	1	13.3	0.87
1	8	2	4	2	14	4	4	1	5.2	0.34
2	9	1	3	3	21	1	5	1	7.5	0.83
2	10	1	4	3	22	2	5	1	9.8	0.55
2	11	2	3	3	23	3	6	1	6.3	0.87
2	12	2	4	3	24	4	6	1	2.3	0.44
2	13	1	3	4	21	1	7	1	4.1	0.37
2	14	1	4	4	22	2	7	1	5.2	0.34
2	15	2	3	4	23	3	8	1	7.5	0.83
2	16	2	4	4	24	4	8	1	5.2	0.34

A coluna de Interação deve codificar combinações local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&G2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna G. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vint(d): variância da interação capacidade específica de combinação x locais.

Vfam: variância da capacidade específica de combinação ou variância genética de dominância entre famílias de irmãos germanos.

Vbloc: variância entre blocos.

Vint (a): variância da interação dos efeitos aditivos com ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito no bloco, ou seja, dos efeitos aditivos.

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2int (d) = c2: coeficiente de determinação dos efeitos da interação capacidade específica de combinação x locais.

c2fam = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

c2bloc = c22: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

c2int (a) = c23: coeficiente de determinação dos efeitos da interação dos efeitos aditivos com ambientes.

rgloc: correlação genotípica de progênes através dos locais.

Média Geral.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 15.1.1 são igualmente válidos. Adicionalmente são apresentados os valores genéticos em cada local.

15.2.3 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores Aparentados (Modelo 41)

Esse modelo segue exatamente conforme descrito no item 15.2.1 porém necessita de um arquivo adicional, de pedigree, com a seguinte seqüência de colunas: Genitor, Pai, Mãe.

15.2.4 Blocos Incompletos e Uma Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores Aparentados (Modelo 46)

Esse modelo segue exatamente conforme descrito no item 15.2.2 porém necessita de um arquivo adicional, de pedigree, com a seguinte seqüência de colunas: Genitor, Pai, Mãe.

16 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS EM PROGÊNIES DE IRMÃOS GERMANOS OBTIDAS SOB CRUZAMENTOS FATORIAIS OU DIALÉLICOS INTRAPOPULACIONAIS – VÁRIAS PLANTAS POR PARCELA

16.1 Avaliação em um Local e em uma Safra

Para experimentos instalados nos delineamentos em blocos completos ou incompletos com várias plantas por parcela, os modelos do Selegen que podem ser usados nessa situação são:

- § Delineamento em Blocos Completos, Espécies Alógamas, Genitores não Aparentados: Modelo 33.

§ Delineamento em Blocos Incompletos, Espécies Alógamas, Genitores não Aparentados: Modelo 38.

§ Delineamento em Blocos Completos, Espécies Alógamas, Genitores Aparentados: Modelo 40.

§ Delineamento em Blocos Incompletos, Espécies Alógamas, Genitores Aparentados: Modelo 45.

No Selegen Windows, os modelos 33 e 38 podem ser encontrados na caixa “Dialélicos – Genitores não Aparentados” da tela principal. Os modelos 40 e 45 podem ser encontrados na caixa “Dialélicos – Genitores Aparentados” da tela principal.

16.1.1 Blocos Completos, Várias Plantas por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 33)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + Tf + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), f é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Pai Mãe Repetição Parcela Progênie Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições com 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Pai	Mãe	Repetição	Parcela	Progênie	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	1	2	13.8	0.88
3	1	2	1	2	2	1	12.4	0.25
4	1	2	1	2	2	2	15.0	0.10
5	2	1	1	3	3	1	8.5	0.14
6	2	1	1	3	3	2	11.0	0.55
7	2	2	1	4	4	1	13.3	0.87
8	2	2	1	4	4	2	5.2	0.34
9	1	1	2	5	1	1	7.5	0.83
10	1	1	2	5	1	2	9.8	0.55
11	1	2	2	6	2	1	6.3	0.87
12	1	2	2	6	2	2	2.3	0.44
13	2	1	2	7	3	1	4.1	0.37
14	2	1	2	7	3	2	5.2	0.34
15	2	2	2	8	4	1	7.5	0.83
16	2	2	2	8	4	2	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vfam: variância da capacidade específica de combinação ou variância genética de dominância entre famílias de irmãos germanos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito no bloco, ou seja, dos efeitos aditivos.

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c2fam = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 15.1.1 são igualmente válidos.

16.1.2 Blocos Incompletos, Várias Plantas por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 38)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + Sf + Tb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), f é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (aleatórios), b é o vetor dos efeitos de bloco (aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Pai Mãe Repetição Parcela Progênie Bloco Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições com 2 blocos por repetição e 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Pai	Mãe	Repetição	Parcela	Progênie	Bloco	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	2	1	2	2	1	1	13.8	0.88
3	2	1	1	3	3	2	1	12.4	0.25
4	2	2	1	4	4	2	1	15.0	0.10
5	1	1	2	5	1	3	1	8.5	0.14
6	1	2	2	6	2	3	1	11.0	0.55
7	2	1	2	7	3	4	1	13.3	0.87
8	2	2	2	8	4	4	1	5.2	0.34
9	1	1	1	1	1	1	2	12.4	0.25
10	1	2	1	2	2	1	2	15.0	0.10
11	2	1	1	3	3	2	2	15.0	0.10
12	2	2	1	4	4	2	2	8.5	0.14
13	1	1	2	5	1	3	2	11.0	0.55
14	1	2	2	6	2	3	2	13.3	0.87
15	2	1	2	7	3	4	2	5.2	0.34
16	2	2	2	8	4	4	2	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vparc: variância entre parcelas.

Vfam: variância da capacidade específica de combinação ou variância genética de dominância entre famílias de irmãos germanos.

Vbloc: variância entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito no bloco, ou seja, dos efeitos aditivos.

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2parc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c2fam = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

c2bloc = c22: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 15.1.1 são igualmente válidos.

16.1.3 Blocos Completos e Várias Plantas por Parcela, Genitores Aparentados (Modelo 40)

Esse modelo segue exatamente conforme descrito no item 16.1.1 porém necessita de um arquivo adicional, de pedigree, com a seguinte seqüência de colunas: Genitor, Pai, Mãe.

16.1.4 Blocos Incompletos e Várias Plantas por Parcela, Genitores Aparentados (Modelo 45)

Esse modelo segue exatamente conforme descrito no item 16.1.2 porém necessita de um arquivo adicional, de pedigree, com a seguinte seqüência de colunas: Genitor, Pai, Mãe.

16.2 Avaliação em vários Locais e em uma Safra

Para experimentos instalados nos delineamentos em blocos completos com várias plantas por parcela, os modelos do Selegen que podem ser usados nessa situação são:

§ Delineamento em Blocos Completos, Espécies Alógamas, Genitores não Aparentados: Modelo 37.

§ Delineamento em Blocos Completos, Espécies Alógamas, Genitores Aparentados: Modelo 44.

No Selegen Windows, o modelo 37 pode ser encontrado na caixa "Dialélicos – Genitores não Aparentados" da tela principal. O modelo 44 pode ser encontrado na caixa "Dialélicos – Genitores Aparentados" da tela principal.

16.2.1 Blocos Completos, Várias Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores não Aparentados (Modelo 37)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wp + Tf + Si_f + Qi_a + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), f é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (aleatórios), i_f é o vetor dos efeitos da interação dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos com locais (aleatórios), i_a é o vetor dos efeitos da interação dos efeitos genéticos aditivos com locais (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados**Local Indivíduo Pai Mãe Repetição Interação_f Progênie Parcela Árvores Variáveis**

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies, 4 genitores em 2 repetições por local com 2 plantas (árvores) por parcela, em 2 locais.

Local	Indivíduo	Pai	Mãe	Repetição	Interação _f	Progênie	Parcela	Arv/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	3	1	11	1	1	1	10.3	0.35
1	2	1	4	1	12	2	2	1	13.8	0.88
1	3	2	3	1	13	3	3	1	12.4	0.25
1	4	2	4	1	14	4	4	1	15.0	0.10
1	5	1	3	2	11	1	5	1	8.5	0.14
1	6	1	4	2	12	2	6	1	11.0	0.55
1	7	2	3	2	13	3	7	1	13.3	0.87
1	8	2	4	2	14	4	8	1	5.2	0.34
2	9	1	3	3	21	1	9	1	7.5	0.83
2	10	1	4	3	22	2	10	1	9.8	0.55
2	11	2	3	3	23	3	11	1	6.3	0.87
2	12	2	4	3	24	4	12	1	2.3	0.44
2	13	1	3	4	21	1	13	1	4.1	0.37
2	14	1	4	4	22	2	14	1	5.2	0.34
2	15	2	3	4	23	3	15	1	7.5	0.83
2	16	2	4	4	24	4	16	1	5.2	0.34
1	17	1	3	1	11	1	1	2	10.3	0.35
1	18	1	4	1	12	2	2	2	13.8	0.88
1	19	2	3	1	13	3	3	2	12.4	0.25
1	20	2	4	1	14	4	4	2	15.0	0.10
1	21	1	3	2	11	1	5	2	8.5	0.14
1	22	1	4	2	12	2	6	2	11.0	0.55
1	23	2	3	2	13	3	7	2	13.3	0.87
1	24	2	4	2	14	4	8	2	5.2	0.34
2	25	1	3	3	21	1	9	2	7.5	0.83
2	26	1	4	3	22	2	10	2	9.8	0.55
2	27	2	3	3	23	3	11	2	6.3	0.87
2	28	2	4	3	24	4	12	2	2.3	0.44
2	29	1	3	4	21	1	13	2	4.1	0.37
2	30	1	4	4	22	2	14	2	5.2	0.34
2	31	2	3	4	23	3	15	2	7.5	0.83
2	32	2	4	4	24	4	16	2	5.2	0.34

A coluna de Interação deve codificar combinações local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&G2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna G. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vint(d): variância da interação capacidade específica de combinação x locais.

Vfam: variância da capacidade específica de combinação ou variância genética de dominância entre famílias de irmãos germanos.

Vparc: variância entre parcelas.

Vint (a): variância da interação dos efeitos aditivos com ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito no bloco, ou seja, dos efeitos aditivos.

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2int (d) = c2: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênie x locais.

c2fam = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

c2parc = c22: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c2int (a) = c23: coeficiente de determinação dos efeitos da interação dos efeitos aditivos com ambientes.

rgloc: correlação genotípica de progênie através dos locais.

Média Geral.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 15.1.1 são igualmente válidos. Adicionalmente são apresentados os valores genéticos em cada local.

16.2.2 Blocos Completos, Várias Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores Aparentados (Modelo 44)

Esse modelo segue exatamente conforme descrito no item 16.2.1 porém necessita de um arquivo adicional, de pedigree, com a seguinte seqüência de colunas: Genitor, Pai, Mãe.

17 OTIMIZAÇÃO DA SELEÇÃO EM FUNÇÃO DA ENDOGAMIA E DO NE (MODELO 106)

A otimização da seleção em termos de maximização do ganho genético com restrição na endogamia via manutenção de um tamanho efetivo adequado, pode ser realizada pelo modelo 106, encontrado na janela “Otimização da Seleção (Endogamia e Ne)” da tela principal do Selegen Windows.

Este modelo trabalha sobre os valores genéticos individuais preditos, os quais são apresentados no tópico 2 do arquivo .res de resultados. Para rodar tal modelo deve-se fornecer um arquivo .txt gerado a partir do arquivo .res, após apagar o item 1 “Componentes de Variância”, deixando somente uma linha de cabeçalho no ranking de Indivíduos, e apagar também as demais linhas após o ranking de Indivíduos.

Existem duas opções de análise por esse modelo: seleção dentro de progênies (d); seleção individual com restrição no número máximo de Indivíduos selecionados por família (r). Nesta última opção deve ser fornecido também o número total de Indivíduos a ser selecionado.

18 MELHORAMENTO ANIMAL

Os modelos referentes ao melhoramento animal incluídos no Selegen-Reml/Blup envolvem dados de apenas uma geração e permitem selecionar Indivíduos dessa geração e também da geração dos genitores. Assim, apresentam caráter mais didático do que utilidade em termos de programas práticos de melhoramento. No entanto, podem ser usados na prática na primeira geração de programas de melhoramento de novas espécies ou programas novos de melhoramento com espécies tradicionais. O pequeno enfoque dado ao melhoramento animal no Selegen-Reml/Blup refere-se ao fato de existirem inúmeros aplicativos computacionais de excelência desenvolvidos para o melhoramento animal tais quais o ASREML, o Wombat (ex DFREML), o MTDFREML, o REMLF90, BLUPF90, VCE, PEST, dentre outros. Exemplos didáticos simples do uso do REML/BLUP no Melhoramento Animal são apresentados por Resende e Rosa-Perez (1999; 2001).

Os modelos disponíveis no Selegen-Reml/Blup são:

§ Modelo Animal Reduzido para Reprodutores e seus Descendentes: Modelo 84

§ Modelo Animal Reduzido de Repetibilidade para Reprodutores e seus Descendentes: Modelo 85

§ Modelo Animal Reduzido com Efeito de Ambiente Comum, para Reprodutores e seus Descendentes: Modelo 86

No Selegen Windows, os modelos 84, 85 e 86 podem ser encontrados na caixa “Melhoramento Animal” da tela principal.

18.1 Modelo Animal Reduzido para Reprodutores e seus Descendentes (Modelo 84)

Modelo Estatístico

$y = Xf + Za + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos ambientais identificáveis tais quais grupos contemporâneos ou combinação rebanho-ano-estação (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), e e é o

vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observação Reprodutor Fixo Indivíduo Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 Indivíduos de 2 reprodutores em 2 grupos contemporâneos.

Observação	Reprodutor	Fixo	Indivíduo	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	2	2	12.4	0.25
3	2	1	3	8.5	0.14
4	2	2	4	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h^2_a = h^2$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos

2. Componentes de Média (BLUP Individual)

Seleção de Indivíduos

Ordem	Ef.Fixo	Genitor	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	Ne	d	g
1	2	303	104.00	16.01	68.28	16.01	68.28	1,00	5.67	21.68
2	5	363	113.00	14.45	66.72	15.23	67.50	2,00	6.36	20.81
3	3	303	98.00	14.30	66.57	14.92	67.19	2,48	4.53	18.83
4	5	303	100.00	14.18	66.45	14.73	67.01	2,67	4.45	18.63
5	2	353	105.00	14.09	66.37	14.61	66.88	3,66	5.63	19.73

Seleção de Reprodutores ou Genitores

Ordem	Genitor	a	Ganho	Nova Média
1	323	16.83	16.83	69.10
2	303	15.01	15.92	68.19
3	375	12.59	14.81	67.08
4	353	11.29	13.93	66.20
5	304	10.41	13.23	65.50

Seleção com Sobreposição de Gerações

Ordem	Ef.Fixo	Genitor	a	Ganho	Nova Média
1	0	323	16.83	16.83	69.10
2	2	303	16.01	16.42	68.69
3	0	303	15.01	15.95	68.22
4	5	363	14.45	15.58	67.85
5	3	303	14.30	15.32	67.59

O código 0 no efeito fixo indica que o indivíduo em questão é um reprodutor ou genitor.

As seguintes quantidades são definidas:

f: valor fenotípico individual ou medição de campo;

a: efeito genético aditivo predito;

u + a: valor genético aditivo predito;

Ne: tamanho efetivo populacional;

d: efeito genético de dominância predito (supondo determinado grau médio de dominância no caso de progênie de meios irmãos);

g = a + d: efeito genotípico predito.

18.2 Modelo Animal Reduzido de Repetibilidade para Reprodutores e seus Descendentes (Modelo 85)**Modelo Estatístico**

$y = Xf + Za + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos ambientais identificáveis tais quais grupos contemporâneos ou combinação rebanho-ano-estação (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos permanentes (ambientais e genéticos não aditivos, aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observação Reprodutor Fixo Indivíduo Identificação Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 Indivíduos de 2 reprodutores em 2 grupos contemporâneos, com 2 medições por indivíduo.

Observação	Reprodutor	Ef. Fixo	Indivíduo	Identificação	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	12.4	0.25
3	2	1	2	1	8.5	0.14
4	2	1	2	1	5.2	0.34
5	1	2	3	1	7.5	0.83
6	1	2	3	1	6.3	0.87
7	2	2	4	1	4.1	0.37
8	2	2	4	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vperm: variância dos efeitos permanentes.

Ve: variância residual (ambiental temporária).

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

r = repetibilidade individual.

c2perm = c2: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

2. Componentes de Média (BLUP Individual)

Os comentários apresentados no item 18.1 são igualmente válidos.

18.3 Modelo Animal Reduzido para Reprodutores e seus Descendentes, com Efeito de Ambiente Comum ou de Família de Irmãos Germanos (Cruzamentos Hierárquicos - Modelo 87)

Modelo Estatístico

$y = Xf + Za + Wc + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos ambientais identificáveis tais quais grupos contemporâneos ou combinação rebanho-ano-estação (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), c é o vetor dos efeitos de ambiente comum ou de famílias de irmãos germanos sob cruzamentos hierárquicos (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observação Reprodutor Fixo FamiliarG Indivíduo Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 8 Indivíduos de 2 reprodutores em 2 grupos contemporâneos, com 2 Indivíduos por família de irmãos germanos.

Observação	Reprodutor	Ef. Fixo	Família IG	Indivíduo	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	12.4	0.25
3	2	1	2	3	8.5	0.14
4	2	1	2	4	5.2	0.34
5	1	2	3	5	7.5	0.83
6	1	2	3	6	6.3	0.87
7	2	2	4	7	4.1	0.37
8	2	2	4	8	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vfem/mac: variância dos efeitos de fêmeas dentro de machos ou de famílias de irmãos germanos ajustados para os efeitos genéticos aditivos de machos.

Vd: variância genética de dominância

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

h2g = herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c_{2fem/mac} = c_2$: coeficiente de determinação dos efeitos de fêmeas dentro de machos.

Média geral do experimento.

Em ausência de efeito de ambiente comum aos membros de cada família de irmãos germanos, o componente $V_{fem/mac}$ contempla $(1/4) V_a + (1/4) V_d$. Isto é verdadeiro no melhoramento vegetal quando se usa 1 planta ou observação por parcela e várias repetições.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

2. Componentes de Média (BLUP Individual)

Os comentários apresentados no item 18.1 são igualmente válidos.

19 AVALIAÇÃO DE INDIVÍDUOS E GENITORES VIA TESTES DE PROGÊNIES DE IRMÃOS GERMANOS OBTIDAS SOB CRUZAMENTOS HIERÁRQUICOS INTRAPOPULACIONAIS – UMA PLANTA POR PARCELA

Para experimentos instalados nos delineamentos em blocos completos com uma planta por parcela, o modelo do Selegen que pode ser usado nessa situação é:

§ Delineamento em Blocos Completos, Uma Planta ou Observação por Parcela, Genitores não Aparentados: Modelo 86.

No Selegen Windows, o modelo 86 pode ser encontrado na caixa “Melhoramento Animal” da tela principal.

19.1 Blocos Completos, Uma Planta por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 86)

Modelo Estatístico

$y = Xb + Za + Wc + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos ambientais identificáveis de blocos (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), c é o vetor dos efeitos de famílias de irmãos germanos sob cruzamentos hierárquicos (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observação Genitor Bloco FamiliarG Indivíduo Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 8 Indivíduos de 2 reprodutores em 2 grupos contemporâneos, com 2 Indivíduos por família de irmãos germanos.

Observação	Genitor	Bloco	Família IG	Indivíduo	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	12.4	0.25
3	2	1	2	3	8.5	0.14
4	2	1	2	4	5.2	0.34
5	1	2	3	5	7.5	0.83
6	1	2	3	6	6.3	0.87
7	2	2	4	7	4.1	0.37
8	2	2	4	8	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vfem/mac: variância dos efeitos de fêmeas dentro de machos ou de famílias de irmãos germanos ajustados para os efeitos genéticos aditivos de machos.

Vd: variância genética de dominância

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

h_{2g} = herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c_{2fem/mac} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de fêmeas dentro de machos.

Média geral do experimento.

Em ausência de efeito de ambiente comum aos membros de cada família de irmãos germanos, o componente Vfem/mac contempla $(1/4) Va + (1/4) Vd$. Isto é verdadeiro no melhoramento vegetal quando se usa 1 planta ou observação por parcela e várias repetições.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

2. Componentes de Média (BLUP Individual)

Os comentários apresentados no item 18.1 são igualmente válidos.

20 MODELOS ESTATÍSTICOS GENÉRICOS

Modelos genéricos com diferentes números de fatores aleatórios podem ser ajustados no Selegen. O usuário pode escolher livremente quais efeitos fixo e aleatórios quer ajustar e os resultados são apresentados de forma genérica, sem uma interpretação genética. São, portanto, muito úteis na

estatística em geral. Os resultados dos componentes de variância e dos efeitos ajustados são apresentados nos arquivos com extensão .res e com extensão .efe. Os modelos do Selegen que podem ser usados nessa situação são:

- § Modelo com 2 Fatores de Efeitos Fixos e 1 Fator de Efeitos Aleatórios: Modelo 120
- § Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 1 Fator de Efeitos Aleatórios: Modelo 121
- § Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 2 Fatores de Efeitos Aleatórios: Modelo 122
- § Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 3 Fatores de Efeitos Aleatórios: Modelo 123
- § Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 4 Fatores de Efeitos Aleatórios: Modelo 124
- § Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 5 Fatores de Efeitos Aleatórios: Modelo 125

No Selegen Windows, os modelos de 120 a 125 podem ser encontrados na caixa “Modelos Genéricos” da tela principal.

20.1 Modelo com 2 Fatores de Efeitos Fixos e 1 Fator de Efeitos Aleatórios (Modelo 120)

Modelo Estatístico

$y = X_1f_1 + X_2f_2 + Zg + e$, em que y é o vetor de dados, f_1 é o vetor dos efeitos fator fixo 1 somados à média geral, f_2 é o vetor dos efeitos fator fixo 2, a é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Genótipo Fixo1 Fixo2 Obs/Parcela Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 níveis do fator fixo 1 e 4 níveis do fator fixo 2.

Observação	Genótipo	Fixo 1	Fixo 1-2	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	12.4	0.25
3	2	1	2	1	8.5	0.14
4	2	1	2	2	5.2	0.34
5	1	2	3	1	7.5	0.83
5	1	2	3	2	6.3	0.87
7	2	2	4	1	4.1	0.37
8	2	2	4	2	5.2	0.34

A coluna Fixo 1-2 codifica combinações fator fixo 1 – fator fixo 2 e é adequado tanto para o caso do fator fixo 2 hierárquico quanto de classificação cruzada com o fator 1. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância entre genótipos.

Ve: variância residual (ambiental + não aditiva).

Vf: variância fenotípica individual.

$h^2_a = h^2$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados para os modelos 20 e 2 são igualmente válidos.

20.2 Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 1 Fator de Efeitos Aleatórios além dos Resíduos (Modelo 121)

Modelo Estatístico

$y = Xf + Za + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos assumidos como fixos somados à média geral, a é o vetor dos efeitos aleatórios, e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Aleatório Fixo Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 1 fator de efeitos aleatórios com 2 níveis e em 1 fator de efeitos fixos com 2 níveis.

Observações	Aleatório	Fixo	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	2	1	12.4	0.25
3	2	1	1	8.5	0.14
4	2	2	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

V1: componente de variância associada ao fator aleatório.

V_e : variância residual.

V_f : variância total ou fenotípica.

$c_2e_1 = h_2$: coeficiente de determinação associado ao fator aleatório 1.

CV1%: coeficiente de variação associado ao fator aleatório 1.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Vard: variância da diferença entre médias dos níveis do fator de efeitos fixos.

Sed: desvio padrão da diferença entre médias dos níveis do fator de efeitos fixos.

Média geral do experimento.

São apresentadas também as médias associadas aos níveis do fator de efeitos fixos.

Componentes de Média (BLUP Individual)

São apresentadas as médias associadas aos níveis do fator de efeitos aleatórios. No arquivo com extensão .efe são apresentadas as predições para os demais efeitos aleatórios.

20.3 Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 2 Fatores de Efeitos Aleatórios além dos Resíduos (Modelo 122)

Modelo Estatístico

$y = Xf + Za_1 + Wa_2 + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos assumidos como fixos somados à média geral, a_1 é o vetor dos efeitos do fator aleatório 1, a_2 é o vetor dos efeitos do fator aleatório 2, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Aleatório1 Fixo Aleatório2 Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 fatores de efeitos aleatórios e em 1 fator de efeitos fixos.

Observação	Aleatório 1	Fixo	Aleatório 2	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	12.4	0.25
3	2	1	2	1	8.5	0.14
4	2	1	2	1	5.2	0.34
5	1	2	3	1	7.5	0.83
6	1	2	3	1	6.3	0.87
7	2	2	4	1	4.1	0.37
8	2	2	4	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

V1: componente de variância associada ao fator aleatório 1.

V2: componente de variância associada ao fator aleatório 2.

Ve: variância residual.

Vf: variância total ou fenotípica.

c2e1 = h2: coeficiente de determinação associado ao fator aleatório 1.

c2e2 = c2: coeficiente de determinação associado ao fator aleatório 2.

CV1%: coeficiente de variação associado ao fator aleatório 1.

Vard: variância da diferença entre médias dos níveis do fator de efeitos fixos.

Sed: desvio padrão da diferença entre médias dos níveis do fator de efeitos fixos.

Média geral do experimento.

São apresentadas também as médias associadas aos níveis do fator 1 de efeitos fixos. No arquivo com extensão .efe são apresentadas as predições para os demais efeitos aleatórios.

Componentes de Média (BLUP Individual)

São apresentadas as médias associadas aos níveis do fator de efeitos aleatórios. No arquivo com extensão .efe são apresentadas as predições para os demais efeitos aleatórios.

20.4 Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 3 Fatores de Efeitos Aleatórios além dos Resíduos (Modelo 123)

Modelo Estatístico

$y = Xf + Za_1 + Wa_2 + Ta_3 + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos assumidos como fixos somados à média geral, a_1 é o vetor dos efeitos do fator aleatório 1, a_2 é o vetor dos efeitos do fator aleatório 2, a_3 é o vetor dos efeitos do fator aleatório 3 e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Aleatório1 Fixo Aleatório2 Aleatório3 Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 3 fatores de efeitos aleatórios e em 1 fator de efeitos fixos.

Observação	Aleatório 1	Fixo	Aleatório 2	Aleatório 3	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	1	12	1	8.5	0.14
3	3	1	2	13	1	8.6	0.54
4	4	1	2	14	1	1.6	2.40
5	1	2	3	11	1	10.4	0.35
6	2	2	3	12	1	8.7	0.14
7	3	2	4	13	1	8.8	0.54
8	4	2	4	14	1	1.7	2.50
9	1	3	5	21	1	10.5	0.35
10	2	3	5	22	1	8.9	0.14
11	3	3	6	23	1	8.1	0.54
12	4	3	6	24	1	1.8	2.60
13	1	4	7	21	1	10.6	0.35
14	2	4	7	22	1	8.1	0.14
15	3	4	8	23	1	8.2	0.54
16	4	4	8	24	1	1.9	2.70

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

V1: componente de variância associada ao fator aleatório 1.

V2: componente de variância associada ao fator aleatório 2.

V3: componente de variância associada ao fator aleatório 3.

Ve: variância residual.

Vf: variância total ou fenotípica.

c2e1 = h2: coeficiente de determinação associado ao fator aleatório 1.

c2e2 = c2: coeficiente de determinação associado ao fator aleatório 2.

c2e3 = c21: coeficiente de determinação associado ao fator aleatório 3.

CV1%: coeficiente de variação associado ao fator aleatório 1.

Vard: variância da diferença entre médias dos níveis do fator de efeitos fixos.

Sed: desvio padrão da diferença entre médias dos níveis do fator de efeitos fixos.

Média geral do experimento.

São apresentadas também as médias associadas aos níveis do fator de efeitos fixos.

Componentes de Média (BLUP Individual)

São apresentadas as médias associadas aos níveis do fator 1 de efeitos aleatórios. No arquivo com extensão .efe são apresentadas as predições para os demais efeitos aleatórios.

20.5 Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 4 Fatores de Efeitos Aleatórios além dos Resíduos (Modelo 124)

Modelo Estatístico

$y = Xf + Za_1 + Wa_2 + Ta_3 + Qa_4 + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos assumidos como fixos somados à média geral, a_1 é o vetor dos efeitos do fator aleatório 1, a_2 é o vetor dos efeitos do fator aleatório 2, a_3 é o vetor dos efeitos do fator aleatório 3, a_4 é o vetor dos efeitos do fator aleatório 4, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Aleatório1 Fixo Aleatório2 Aleatório3 Aleatório4 Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 fatores de efeitos aleatórios e em 1 fator de efeitos fixos.

Observação	Aleatório 1	Fixo	Aleatório 2	Aleatório 3	Aleatório 4	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	11		10.3	0.35
2	2	1	1	12	12		8.5	0.14
3	3	1	2	13	13		8.6	0.54
4	4	1	2	14	14		1.6	2.40
5	1	2	3	21	11		10.4	0.35
6	2	2	3	22	12		8.7	0.14
7	3	2	4	23	13		8.8	0.54
8	4	2	4	24	14		1.7	2.50
9	1	3	5	11	21		10.5	0.35
10	2	3	5	12	22		8.9	0.14
11	3	3	6	13	23		8.1	0.54
12	4	3	6	14	24		1.8	2.60
13	1	4	7	21	21		10.6	0.35
14	2	4	7	22	22		8.1	0.14
15	3	4	8	23	23		8.2	0.54
16	4	4	8	24	24		1.9	2.70

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

V1: componente de variância associada ao fator aleatório 1.

V2: componente de variância associada ao fator aleatório 2.

V3: componente de variância associada ao fator aleatório 3.

V4: componente de variância associada ao fator aleatório 4.

Ve: variância residual.

Vf: variância total ou fenotípica.

c2e1 = h2: coeficiente de determinação associado ao fator aleatório 1.

c2e2 = c2: coeficiente de determinação associado ao fator aleatório 2.

c2e3 = c21: coeficiente de determinação associado ao fator aleatório 3.

c2e4 = c22: coeficiente de determinação associado ao fator aleatório 4.

CV1%: coeficiente de variação associado ao fator aleatório 1.

Vard: variância da diferença entre médias dos níveis do fator de efeitos fixos.

Sed: desvio padrão da diferença entre médias dos níveis do fator de efeitos fixos.

Média geral do experimento.

São apresentadas também as médias associadas aos níveis do fator de efeitos fixos.

Componentes de Média (BLUP Individual)

São apresentadas as médias associadas aos níveis do fator 1 de efeitos aleatórios. No arquivo com extensão .efe são apresentadas as predições para os demais efeitos aleatórios.

20.6 Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 5 Fatores de Efeitos Aleatórios além dos Resíduos (Modelo 125)

Modelo Estatístico

$y = Xf + Za_1 + Wa_2 + Ta_3 + Qa_4 + Pa_5 + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos assumidos como fixos somados à média geral, a_1 é o vetor dos efeitos do fator aleatório 1, a_2 é o vetor dos efeitos do fator aleatório 2, a_3 é o vetor dos efeitos do fator aleatório 3, a_4 é o vetor dos efeitos do fator aleatório 4, a_5 é o vetor dos efeitos do fator aleatório 5, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Aleatório1 Fixo Aleatório2 Aleatório3 Aleatório4 Aleatório5 Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 5 fatores de efeitos aleatórios e em 1 fator de efeitos fixos.

Observação	Aleatório 1	Fixo	Aleatório 2	Aleatório 3	Aleatório 4	Aleatório 5	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	11	111	1	1	10.3	0.35
2	2	1	21	21	211	2	1	8.5	0.14
3	1	2	11	12	112	1	2	8.6	0.54
4	2	2	21	22	212	2	2	1.6	2.40
5	1	3	12	11	121	3	1	10.4	0.35
6	2	3	22	21	221	4	1	8.7	0.14
7	1	4	12	12	122	3	2	8.8	0.54
8	2	4	22	22	222	4	2	1.7	2.50
9	1	1	11	11	111	1	1	10.5	0.35
10	2	1	21	21	211	2	1	8.9	0.14
11	1	2	11	12	112	1	2	8.1	0.54
12	2	2	21	22	212	2	2	1.8	2.60
13	1	3	12	11	121	3	1	10.6	0.35
14	2	3	22	21	221	4	1	8.1	0.14
15	1	4	12	12	122	3	2	8.2	0.54
16	2	4	22	22	222	4	2	1.9	2.70

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

V1: componente de variância associada ao fator aleatório 1.

V2: componente de variância associada ao fator aleatório 2.

V3: componente de variância associada ao fator aleatório 3.

V4: componente de variância associada ao fator aleatório 4.

V5: componente de variância associada ao fator aleatório 5.

Ve: variância residual.

Vf: variância total ou fenotípica.

$c2e1 = h2$: coeficiente de determinação associado ao fator aleatório 1.

$c2e2 = c2$: coeficiente de determinação associado ao fator aleatório 2.

$c2e3 = c21$: coeficiente de determinação associado ao fator aleatório 3.

$c2e4 = c22$: coeficiente de determinação associado ao fator aleatório 4.

$c2e5 = c24$: coeficiente de determinação associado ao fator aleatório 5.

CV1%: coeficiente de variação associado ao fator aleatório 1.

Vard: variância da diferença entre médias dos níveis do fator de efeitos fixos.

Sed: desvio padrão da diferença entre médias dos níveis do fator de efeitos fixos.

Média geral do experimento.

São apresentadas também as médias associadas aos níveis do fator de efeitos fixos.

Componentes de Média (BLUP Individual)

São apresentadas as médias associadas aos níveis do fator 1 de efeitos aleatórios. No arquivo com extensão .efe são apresentadas as predições para os demais efeitos aleatórios.

21 MODELOS ESTATÍSTICOS COM TRATAMENTOS DE EFEITOS FIXOS: DBC, DIC, PARCELAS SUBDIVIDIDAS, FATORIAL, HIERÁRQUICO

O procedimento padrão na estatística experimental em geral é considerar os efeitos de tratamentos como fixos e os efeitos de blocos como aleatórios. O Selegen-Reml/Blup contempla essa situação por meio de alguns modelos envolvendo os delineamentos inteiramente casualizado (DIC, modelos 156 e 157), blocos ao acaso (DBC, modelos 97 e 99) os quais são encontrados na caixa "Modelos Mistos: Tratamentos de Efeitos Fixos" da tela principal do programa. Outros modelos contemplam os arranjos de parcelas subdivididas (modelos 12 e 53), fatorial com dois fatores (modelos 11, 12, 52 e 53) e hierárquico com progênie dentro de procedências (modelos 6 e 13). Tais modelos são usados também em outras ocasiões descritas nesse manual de instruções. Entretanto, o que difere aqui é a forma da montagem das colunas nos arquivos de dados e a interpretação de alguns resultados. Isto será detalhado a seguir. Os modelos 6, 11, 12 e 13 são encontrados na caixa "Modelos Mistos: Delineamentos Experimentais/ Materiais Genéticos/ Ambientes" da tela principal do programa. Os modelos 52 e 53 são encontrados na caixa "Produtividade, Estabilidade e Adaptabilidade" da tela principal do programa. Todos os modelos descritos permitem considerar apenas um dos fatores como sendo de efeitos fixos. São descritas situações corriqueiras em que isso ocorre na experimentação envolvendo materiais genéticos. Conforme Resende e Duarte (2007), fatores com 5 ou mais níveis devem preferencialmente ser considerados como de efeitos aleatórios.

Tem-se as seguintes situações:

- § Delineamento de blocos ao acaso com várias observações por parcela: Modelo 97
- § Delineamento de blocos ao acaso com uma observação por parcela: Modelo 99
- § Delineamento inteiramente ao acaso com várias observações por parcela: Modelo 156
- § Delineamento inteiramente ao acaso com uma observação por parcela: Modelo 157
- § Delineamento de blocos ao acaso, arranjo em parcelas subdivididas, com uma observação por parcela, resultado geral médio para os níveis do fator aleatório através dos níveis do fator fixo: Modelo 12
- § Delineamento de blocos ao acaso, arranjo em parcelas subdivididas, com uma observação por parcela, resultado para os níveis do fator aleatório dentro de cada nível do fator fixo: Modelo 53
- § Delineamento de blocos ao acaso, arranjo fatorial com 2 fatores, com uma observação por parcela, resultado geral médio para os níveis do fator aleatório através dos níveis do fator fixo: Modelo 11
- § Delineamento de blocos ao acaso, arranjo fatorial com 2 fatores, com uma observação por parcela, resultado para os níveis do fator aleatório dentro de cada nível do fator fixo: Modelo 52
- § Delineamento de blocos ao acaso, arranjo fatorial com 2 fatores, com várias observações por parcela, resultado geral médio para os níveis do fator aleatório através dos níveis do fator fixo: Modelo 12
- § Delineamento de blocos ao acaso, arranjo fatorial com 2 fatores, com várias observações por parcela, resultado para os níveis do fator aleatório dentro de cada nível do fator fixo: Modelo 53
- § Delineamento de blocos ao acaso, arranjo em parcelas subdivididas, teste de procedências e progênies, um local, procedências como efeitos fixos: Modelo 6
- § Delineamento de blocos ao acaso, arranjo em parcelas subdivididas, teste de procedências e progênies, vários locais, procedências como efeitos fixos: Modelo 13

Nos modelos relatados acima, quando a interação do fator de efeitos aleatórios com o fator de efeitos fixos é significativa, deve-se usar os modelos com resultado para os níveis do fator de efeitos aleatórios dentro de cada nível do fator de efeitos fixos. Caso contrário, deve-se usar os modelos com resultado geral médio para os níveis do fator de efeitos aleatórios através dos níveis do fator de efeitos fixos.

21.1 Delineamento de Blocos ao Acaso com Várias Observações por Parcela: Modelo 97

Modelo Estatístico

$y = X_t + Z_b + W_p + e$, em que y é o vetor de dados, t é o vetor dos efeitos de tratamentos assumidos como fixos somados à média geral, b é o vetor dos efeitos aleatórios de blocos, p é o vetor

dos efeitos aleatórios de parcela, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Bloco Tratamento Parcela Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 tratamentos e 2 blocos.

Observação	Bloco	Tratamento	Parcela	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	2	12.4	0.25
3	2	1	2	1	8.5	0.14
4	2	1	2	2	5.2	0.34
5	1	2	3	1	7.5	0.83
6	1	2	3	2	6.3	0.87
7	2	2	4	1	4.1	0.37
8	2	2	4	2	5.2	0.34

Ao contrário do restante do software, nesse caso a coluna de blocos deve vir antes da coluna de tratamentos. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vb: componente de variância entre blocos.

Vparc: componente de variância entre parcelas.

Ve: variância residual.

Vf: variância total ou fenotípica.

b2: coeficiente de determinação associado ao fator blocos.

c2parc = c2: coeficiente de determinação associado ao fator parcelas.

CVe%: coeficiente de variação experimental.

Média geral do experimento.

É apresentado também o quadro de ANOVA.

Componentes de Média (BLUE)

São apresentadas as médias associadas aos tratamentos. No arquivo com extensão .efe são apresentadas as predições para os demais efeitos aleatórios.

21.2 Delineamento de Blocos ao Acaso com uma Observação por Parcela: Modelo 99

Modelo Estatístico

$y = Xt + Zb + e$, em que y é o vetor de dados, t é o vetor dos efeitos de tratamentos assumidos como fixos somados à média geral, b é o vetor dos efeitos aleatórios de blocos, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Bloco Tratamento Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 tratamentos e 2 blocos.

Observação	Bloco	Tratamento	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	2	1	12.4	0.25
3	2	1	1	8.5	0.14
4	2	2	1	5.2	0.34

Ao contrário do restante do software, nesse caso a coluna de blocos deve vir antes da coluna de tratamentos. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

V_b : componente de variância entre blocos.

V_e : variância residual.

V_f : variância total ou fenotípica.

b_2 : coeficiente de determinação associado ao fator blocos.

$CV_e\%$: coeficiente de variação experimental.

Média geral do experimento.

É apresentado também o quadro de ANOVA.

Componentes de Média (BLUE)

São apresentadas as médias associadas aos tratamentos. No arquivo com extensão .efe são apresentadas as predições para os demais efeitos aleatórios.

21.3 Delineamento Inteiramente ao Acaso com Várias Observações por Parcela: Modelo 156

Modelo Estatístico

$y = X_t + W_p + e$, em que y é o vetor de dados, t é o vetor dos efeitos de tratamentos assumidos como fixos somados à média geral, p é o vetor dos efeitos aleatórios de parcela, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações NRep Tratamento Parcela Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 tratamentos e 2 repetições.

Observação	NRep	Tratamento	Parcela	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	2	1	1	1	10.3	0.35
2	2	1	1	2	12.4	0.25
3	2	1	2	1	8.5	0.14
4	2	1	2	2	5.2	0.34
5	2	2	3	1	7.5	0.83
6	2	2	3	2	6.3	0.87
7	2	2	4	1	4.1	0.37
8	2	2	4	2	5.2	0.34

A coluna NRep deve ser toda preenchida com o número de repetições usado na experimentação. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

São apresentados o quadro de ANOVA e as médias associadas aos tratamentos. No arquivo com extensão .efe são apresentadas as predições para os demais efeitos aleatórios.

21.4 Delineamento de Inteiramente ao Acaso com uma Observação por Parcela: Modelo 157

Modelo Estatístico

$y = X_t + e$, em que y é o vetor de dados, t é o vetor dos efeitos de tratamentos assumidos como fixos somados à média geral, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações NRep Tratamento Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 tratamentos e 2 repetições.

Observação	Nrep	Tratamento	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	2	1	1	10.3	0.35
2	2	2	1	12.4	0.25
3	2	1	1	8.5	0.14
4	2	2	1	5.2	0.34

A coluna NRep deve ser toda preenchida com o número de repetições usado na experimentação. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

São apresentados o quadro de ANOVA e as médias associadas aos tratamentos.

21.5 Delineamento de Blocos ao Acaso, Arranjo em Parcela Subdividida com uma Observação por Parcela, Resultado Geral para os Níveis do Fator Aleatório Através dos Níveis do Fator de Efeitos Fixos: Modelo 12

Modelo Estatístico

$y = Xf + Zg + Wp + Qr + Ti + e$, ou $y = Xa + Zb + Wp + Qr + T(axb) + e$, em que y é o vetor de dados, f (ou a) é o vetor dos efeitos do fator A (assumidos como fixos, alocados nas parcelas) somados à média geral, g (ou b) é o vetor dos efeitos genotípicos associados a subparcelas (níveis do fator B dentro do fator A, assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas ou do erro a associados à interação do fator A com o fator repetições (assumidos como aleatórios), r é o vetor dos efeitos de blocos ou repetições (assumidos como aleatórios), i (ou $a \times b$) é o vetor dos efeitos da interação fator B x fator A ou interação genótipos x fator A (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos b (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor f contempla os níveis do fator A, ajustado como de efeitos fixos. Os efeitos de repetições e do fator B são assumidos como aleatórios. Essa situação é comum no melhoramento de plantas quando se avaliam vários genótipos (fator B) em algumas (menos que 5) condições ambientais de efeitos fixos (fator A). Por exemplo, avaliação de 30 genótipos (fator B) em três condições de sombreamento ou de encharcamento (fator A). Nesse caso, o número de condições ambientais (fator A) é muito pequeno para ser considerado de efeitos aleatórios e também para se usar a técnica de regressão quando os níveis do fator A são quantitativos. Assim, testes de médias podem ser usados para comparar os níveis do fator A.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações FatorB FatorA Parcela Bloco InteraçãoAxB Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos (Fator B) em 2 condições ambientais específicas (Fator A) e 2 repetições ou blocos.

Observações	Fator B	Fator A	Parcela	Bloco	Interação AxB	Obs/Parc	Variável 1	Variável 2
1	1	1	11	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	11	1	12	1	8.5	0.14
3	3	1	11	1	13	1	8.6	0.54
4	4	1	11	1	14	1	1.6	2.40
5	1	2	12	1	21	1	10.4	0.35
6	2	2	12	1	22	1	8.7	0.14
7	3	2	12	1	23	1	8.8	0.54
8	4	2	12	1	24	1	1.7	2.50
9	1	1	21	2	11	1	10.5	0.35
10	2	1	21	2	12	1	8.9	0.14
11	3	1	21	2	13	1	8.1	0.54
12	4	1	21	2	14	1	1.8	2.60
13	1	2	22	2	21	1	10.6	0.35
14	2	2	22	2	22	1	8.1	0.14
15	3	2	22	2	23	1	8.2	0.54
16	4	2	22	2	24	1	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações Fator A x Fator B. Assim, o código 12 representa nível 1 do fator A e nível 2 do fator B. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =C2&B2, quando se tem a codificação do fator A na coluna C e do fator B cluna B. Outras codificações similares são também válidas. Procedimento similar pode ser adotado para a coluna de parcela, que envolve combinações Blocos x Fator A.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica ou variância associada ao fator B.

Vparc: variância ambiental entre parcelas ou variância do erro a.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vint: variância da interação fator B x fator A.

Ve: variância residual associada ao erro b.

Vf: variância fenotípica individual.

h2g =h2: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos de subparcela ou associada ao fator B.

h2mc: herdabilidade ajustada da média de genótipo ou associada ao fator B.

c2parc =c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela ou erro a.

c2bloc = c21: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

c2int = c22: coeficiente de determinação dos efeitos da interação fator A x fator B.

rgloc: correlação do fator B através dos níveis do fator A.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica ou associada ao fator B.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos (Fator B) e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

Significância dos Efeitos do Modelo

Uma análise de deviance (ANADEV) para os efeitos aleatórios bem como um teste F para os efeitos fixos do fator A pode ser realizada conforme descrito no tópico 3, montando-se o quadro da ANADEV com as respectivas significâncias. O software Selegen fornece (via arquivo com extensão .dev) as deviances quando se rodam os modelos com ou sem (basta zerar os coeficientes de determinação c2 correspondentes, na tela do Selegen) os efeitos a serem testados. De posse dessas deviances torna-se fácil construir a tabela da análise de deviance. O teste F para os efeitos fixos do fator A pode ser realizada empregando-se o quadrado médio associado ao fator de efeitos fixos (QM Fixo), apresentado no arquivo com extensão . dev. Inicialmente deve ser obtido o quadrado médio associado ao fator A: $QMA = QM \text{ Fixo} \times \text{Número de Repetições}$. Posteriormente, o valor aproximado de F pode ser obtido por $F = (QMA + Ve) / [(Ve + (r a / (a-1)) Vint) + (Ve + b Vparc)]$, em que r é o número de repetições, a é o número de níveis do fator A de efeitos fixos e b é o número de níveis do fator B de efeitos aleatórios. Os graus de liberdade do resíduo para o teste F são dados por $gl = [[(Ve + r a / (a-1)) Vint]^2 + (Ve + b Vparc)^2 - (QMA)^2] / [gl_{AxB} + (Ve + b Vparc)^2 / gl_{erro a} + (Ve)^2 / gl_{erro b}]$, segundo aproximação de Satterthwaite, a qual é válida para o caso balanceado. Para o caso desbalanceado, a abordagem de Kenward e Roger (1997) é recomendada. A variância residual para a realização de testes de comparação de médias do fator A é dada aproximadamente por $(Vparc/r + Vint/b + Ve/rb)$. O erro padrão das médias dos níveis do fator A para cômputo da diferença mínima significativa é dado pela raiz quadrada dessa variância. As médias do fator A são dadas no efeito 2 do arquivo de resultados com extensão .efe.

21.6 Delineamento de Blocos ao Acaso, Arranjo em Parcela Subdividida com uma Observação por Parcela, Resultado para os Níveis do Fator Aleatório Dentro dos Níveis do Fator de Efeitos Fixos: Modelo 53

Todas as descrições apresentadas no item 21.5 são igualmente válidas. Porém, o arquivo de dados deve conter uma coluna a mais, posicionada em primeiro lugar, antes da coluna "Observações" do tópico anterior. Esta coluna equivale à própria coluna referente ao Fator A, a qual estará então duplicada no arquivo de dados.

Também, resultados adicionais são apresentados, com as predições dos níveis do fator B dentro dos níveis do fator A. Esse é, então, o desdobramento do fator B dentro do fator A. No arquivo de

resultados, as seguintes palavras devem assim ser interpretadas.

Genótipos: níveis do fator B.

Locais: Níveis do fator A.

g: predições para os efeitos do fator B.

ge: predições para os efeitos da interação fator A x fator B.

21.7 Delineamento de Blocos ao Acaso, Arranjo Fatorial com 2 Fatores, com uma Observação por Parcela, Resultado Geral para os Níveis do Fator Aleatório Através dos Níveis do Fator de Efeitos Fixos: Modelo 11

Modelo Estatístico

$y = Xf + Zg + Wr + Ti + e$, ou $y = Xa + Zb + Wr + T(axb) + e$, em que y é o vetor de dados, f (ou a) é o vetor dos efeitos do fator A (assumidos como fixos) somados à média geral, g (ou b) é o vetor dos efeitos genotípicos ou níveis do fator B (assumidos como aleatórios), r é o vetor dos efeitos de blocos ou repetições (assumidos como aleatórios), i (ou $a \times b$) é o vetor dos efeitos da interação fator B x fator A ou interação genótipos x fator A (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor f contempla os níveis do fator A, ajustado como de efeitos fixos. Os efeitos de repetições e do fator B são assumidos como aleatórios. Essa situação é comum no melhoramento de plantas quando se avaliam vários genótipos (fator B) em algumas (menos que 5) condições ambientais de efeitos fixos (fator A). Por exemplo, avaliação de 30 genótipos (fator B) em três locais. Nesse caso, o número de condições ambientais (fator A) é muito pequeno para ser considerado de efeitos aleatórios e também, em outros casos, para se usar a técnica de regressão quando os níveis do fator A são quantitativos. Assim, testes de médias podem ser usados para comparar os níveis do fator A.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações FatorB FatorA Bloco InteraçãoAxB Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 genótipos (Fator B) em 2 condições ambientais específicas (Fator A) e 2 repetições ou blocos por nível do fator A (esquema de blocos hierárquicos dentro de níveis do fator A).

Observações	Fator B	Fator A	Bloco	Interação AxB	Obs/Parcela	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	2	1	1	12	1	8.5	0.14
3	3	1	1	13	1	8.6	0.54
4	4	1	1	14	1	1.6	2.40
5	1	1	2	11	1	10.4	0.35
6	2	1	2	12	1	8.7	0.14
7	3	1	2	13	1	8.8	0.54
8	4	1	2	14	1	1.7	2.50
9	1	2	3	21	1	10.5	0.35
10	2	2	3	22	1	8.9	0.14
11	3	2	3	23	1	8.1	0.54
12	4	2	3	24	1	1.8	2.60
13	1	2	4	21	1	10.6	0.35
14	2	2	4	22	1	8.1	0.14
15	3	2	4	23	1	8.2	0.54
16	4	2	4	24	1	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações Fator A x Fator B. Assim, o código 12 representa nível 1 do fator A e nível 2 do fator B. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =C2&B2, quando se tem a codificação do fator A na coluna C e do fator B cluna B. Outras codificações similares são também válidas.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica ou variância associada ao fator B.

Vbloc: variância ambiental entre blocos.

Vint: variância da interação fator B x fator A.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2g =h2: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos de subparcela ou associada ao fator B.

h2mc: herdabilidade ajustada da média de genótipo ou associada ao fator B.

Acclon: acurácia na seleção de níveis do fator B.

c2bloc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

c2int = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da interação fator A x fator B.

rgloc: correlação do fator B através dos níveis do fator A.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica ou associada ao fator B.

CVe%: coeficiente de variação residual.

PEV: variância do erro de predição dos níveis do fator B.

SEP: desvio padrão dos níveis do fator B.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos (Fator B) e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 4.1.1 são igualmente válidos.

Significância dos Efeitos do Modelo

Uma análise de deviance (ANADEV) para os efeitos aleatórios bem como um teste F para os efeitos fixos do fator A pode ser realizada conforme descrito no tópico 3, montando-se o quadro da ANADEV com as respectivas significâncias. O software Selegen fornece (via arquivo com extensão .dev) as deviances quando se rodam os modelos com ou sem (basta zerar os coeficientes de determinação c2 correspondentes, na tela do Selegen) os efeitos a serem testados. De posse dessas deviances torna-se fácil construir a tabela da análise de deviance. O teste F para os efeitos fixos do fator A pode ser realizada empregando-se o quadrado médio associado ao fator de efeitos fixos (QM Fixo), apresentado no arquivo com extensão . dev. Inicialmente deve ser obtido o quadrado médio associado ao fator A: $QMA = QM \text{ Fixo} \times \text{Número de Repetições}$. Posteriormente, o valor aproximado de F pode ser obtido por $F = (QMA + Ve) / [(Ve + (r \cdot ba / (a-1)) \cdot Vint) + (Ve + b \cdot Vblocc)]$, em que r é o número de repetições, a é o número de níveis do fator A de efeitos fixos e b é o número de níveis do fator B de efeitos aleatórios. Os graus de liberdade do resíduo para o teste F são dados por $gl = [(Ve + rb \cdot a / (a-1) \cdot Vint)^2 + (Ve + b \cdot Vblocc)^2 - (Ve)^2] / [[(Ve + rb \cdot a / (a-1) \cdot Vint)^2 / gl_{AxB}] + (Ve + b \cdot Vblocc)^2 / gl_{blocc/loc} + (Ve)^2 / gl_{erro}]$, segundo aproximação de Satterthwaite, a qual é válida para o caso balanceado. Para o caso desbalanceado, a abordagem de Kenward e Roger (1997) é recomendada. A variância residual para a realização de testes de comparação de médias do fator A é dada aproximadamente por $(Vblocc/r + Vint/b + Ve/rb)$. O erro padrão das médias dos níveis do fator A para cômputo da diferença mínima significativa é dado pela raiz quadrada dessa variância. As médias do fator A são dadas no efeito 2 do arquivo de resultados com extensão .efe.

Para o caso de um esquema fatorial propriamente dito, ou seja, com repetições não hierárquicas ao fator A, todas as considerações referentes a esse tópico 21.7 são igualmente válidas, exceto o que se refere ao teste F aproximado. Nesse caso, o valor aproximado de F pode ser obtido por $F = (QMA) / [(Ve + (r \cdot ba / (a-1)) \cdot Vint)]$. Os graus de liberdade do resíduo para o teste F são dados por $gl = (a-1) \cdot (b-1)$. A variância residual para a realização de testes de comparação de médias do fator A é dada aproximadamente por $(Vint/b + Ve/rb)$. O erro padrão das médias dos níveis do fator A para cômputo da diferença mínima significativa é dado pela raiz quadrada dessa variância

21.8 Delineamento de Blocos ao Acaso, Arranjo Fatorial com 2 Fatores, com uma Observação por Parcela, Resultado para os Níveis do Fator Aleatório Dentro dos Níveis do Fator de Efeitos Fixos: Modelo 52

Todas as descrições apresentadas no item 21.7 são igualmente válidas. Porém, o arquivo de dados deve conter uma coluna a mais, posicionada em primeiro lugar, antes da coluna "Observações" do tópico anterior. Esta coluna equivale à própria coluna referente ao Fator A, a qual estará então duplicada no arquivo de dados.

Também, resultados adicionais são apresentados, com as predições dos níveis do fator B dentro dos níveis do fator A. Esse é, então, o desdobramento do fator B dentro do fator A. No arquivo de resultados, as seguintes palavras devem assim ser interpretadas.

Genótipos: níveis do fator B.

Locais: Níveis do fator A.

g: predições para os efeitos do fator B.

ge: predições para os efeitos da interação fator A x fator B.

21.9 Delineamento de Blocos ao Acaso, Arranjo Fatorial com 2 Fatores, com Várias Observações por Parcela, Resultado Geral para os Níveis do Fator Aleatório Através dos Níveis do Fator de Efeitos Fixos: Modelo 12

Neste caso, deve-se seguir as recomendações e interpretações especificadas no tópico 21.5, porém a coluna "Parcela" refere-se a combinações Bloco x Fator B e não Bloco x Fator A.

21.10 Delineamento de Blocos ao Acaso, Arranjo Fatorial com 2 Fatores, com Várias Observações por Parcela, Resultado para os Níveis do Fator Aleatório Dentro dos Níveis do Fator de Efeitos Fixos: Modelo 53

Neste caso, deve-se seguir as recomendações e interpretações especificadas no tópico 21.6, porém a coluna "Parcela" refere-se a combinações Bloco x Fator B e não Bloco x Fator A.

21.11 Delineamento de Blocos ao Acaso, Arranjo em Parcelas Subdivididas (Hierárquico), Teste de Procedências e Progênes, um Local, Procedências como Efeitos Fixos: Modelo 6

Modelo Estatístico

$y = Xf + Za + Wp + Tb + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos de procedências ou populações (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), b é vetor dos efeitos de blocos ou repetições (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie População Parcela Repetição Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênie em cada uma de 2 populações, com 2 repetições e 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Progênie	População	Parcela	Repetição	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	2	8.5	0.14
3	2	1	2	1	1	8.6	0.54
4	2	1	2	1	2	8.7	0.94
5	1	1	3	2	1	12.4	0.25
6	1	1	3	2	2	5.2	0.34
7	2	1	4	2	1	5.3	0.74
8	2	1	4	2	2	5.4	0.11
9	3	2	5	1	1	10.7	0.55
10	3	2	5	1	2	8.5	0.14
11	4	2	6	1	1	8.2	0.42
12	4	2	6	1	2	8.7	0.94
13	3	2	7	2	1	17.4	0.35
14	3	2	7	2	2	8.2	0.34
15	4	2	8	2	1	5.3	0.64
16	4	2	8	2	2	5.9	0.18

As progênie devem ser codificadas com números diferentes para cada população. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

V_{parc}: variância ambiental entre parcelas.

V_{bloc}: variância entre blocos ou repetições.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h_{2a}: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

h_{2a}: herdabilidade individual no sentido restrito ajustada para os efeitos de parcelas e de blocos.

c_{2parc}: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c_{2bloc}: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

CV_{gi}%: coeficiente de variação genética aditiva individual.

CV_{gp}%: coeficiente de variação genotípica entre progênie.

CVe%: coeficiente de variação residual.

CVr%: coeficiente de variação relativa (CVg/Cve).

h2mp: herdabilidade de médias de progênies.

h2ad: herdabilidade dentro de progênies.

Acprog: acurácia na seleção de progênies.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos. Os valores genotípicos de populações ou procedências são apresentados no arquivo com extensão .efe, efeito 2. O teste F aproximado para os efeitos fixos do fator procedência (P) pode ser realizado empregando-se o quadrado médio associado ao fator de efeitos fixos (QM Fixo), apresentado no arquivo com extensão . dev. Inicialmente deve ser obtido o quadrado médio associado ao fator P: QMP = QM Fixo x Número de Repetições/Número de Procedências. Posteriormente, o valor aproximado de F pode ser obtido por $F = (QMP) / [(Ve/n + Vparc + r Va/4)]$, em que r é o número de repetições e n é o número de plantas por parcela. Os graus de liberdade do resíduo para o teste F são dados por $gl = (f-1)p$, em que f é o número de famílias por procedência e p é o número de níveis do fator P de efeitos fixos. A variância residual para a realização de testes de comparação de médias do fator P é dada aproximadamente por $(Va/(4f) + Vparc/rf + Ve/(nrf))$. O erro padrão das médias dos níveis do fator P para cômputo da diferença mínima significativa é dado pela raiz quadrada dessa variância.

21.12 Delineamento de Blocos ao Acaso, Arranjo em Parcelas Subdivididas (Hierárquico), Teste de Procedências e Progênies, Vários Locais, Procedências Como Efeitos Fixos: Modelo 13

Modelo Estatístico

$y = Xf + Za + Wp + Qb + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos de procedências (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor b contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie População Parcela Bloco Interação Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições em 2 populações em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2), com 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Progênie	População	Parcela	Bloco	Interação	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	11	1	10.3	0.35
2	1	1	1	1	11	2	8.5	0.14
3	2	1	2	1	12	1	8.6	0.54
4	2	1	2	1	12	2	1.6	2.40
5	3	2	3	1	13	1	10.4	0.35
6	3	2	3	1	13	2	8.7	0.14
7	4	2	4	1	14	1	8.8	0.54
8	4	2	4	1	14	2	1.7	2.50
9	1	1	5	2	11	1	10.5	0.35
10	1	1	5	2	11	2	8.9	0.14
11	2	1	6	2	12	1	8.1	0.54
12	2	1	6	2	12	2	1.8	2.60
13	3	2	7	2	13	1	10.6	0.35
14	3	2	7	2	13	2	8.1	0.14
15	4	2	8	2	14	1	8.2	0.54
16	4	2	8	2	14	2	1.9	2.70
17	1	1	9	3	21	1	10.3	0.35
18	1	1	9	3	21	2	8.5	0.14
19	2	1	10	3	22	1	8.6	0.54
20	2	1	10	3	22	2	1.6	2.40
21	3	2	11	3	23	1	10.4	0.35
22	3	2	11	3	23	2	8.7	0.14
23	4	2	12	3	24	1	8.8	0.54
24	4	2	12	3	24	2	1.7	2.50
25	1	1	13	4	21	1	10.5	0.35
26	1	1	13	4	21	2	8.9	0.14
27	2	1	14	4	22	1	8.1	0.54
28	2	1	14	4	22	2	1.8	2.60
29	3	2	15	4	23	1	10.6	0.35
30	3	2	15	4	23	2	8.1	0.14
31	4	2	16	4	24	1	8.2	0.54
32	4	2	16	4	24	2	1.9	2.70

A coluna Interação deve codificar combinações local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =E2&B2, quando se tem a codificação de locais na coluna E e de genótipos na coluna B. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva, livre da interação genótipos x ambientes.

V_{parc}: variância ambiental entre parcelas.

V_{bloc}: variância entre blocos.

V_{int}: variância da interação progênes x ambientes.

V_e: variância residual.

V_f: variância fenotípica individual.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c_{2parc} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

c_{2bloc} = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

c_{2int} = c₂₂: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênes x ambientes.

rg_{loc}: correlação genotípica entre o desempenho das progênes nos vários ambientes.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 6.1.1 são igualmente válidos. Os valores genotípicos de populações ou procedências são apresentados no arquivo com extensão .efe, efeito 2.

22 GENÉTICA DE POPULAÇÕES

Parâmetros genéticos populacionais são estimados de forma eficiente via marcadores genéticos isoenzimáticos ou de DNA. Análise eficiente pode ser obtida via um esquema hierárquico de análise de variância envolvendo as fontes de variação de alelos dentro indivíduos, indivíduos dentro de famílias, famílias dentro de populações e populações, conforme apresentado por Vencovsky (1992). Os parâmetros mais importantes obtidos com esse tipo de análise são: componentes de variância associados às várias fontes de informação mencionadas, estatísticas F de Wright, taxas de cruzamento e de autofecundação, tamanhos efetivos de família e total, frequências alélicas nas populações. No Selegen os parâmetros não são estimados via ANOVA mas sim via REML e portanto permite uma análise mais eficiente quando existe desbalanceamento nos dados.

Dois modelos de análise foram implementados: envolvendo várias populações (modelo 117) e envolvendo uma só população (modelo 118). Tais modelos são encontrados na caixa "Genética de Populações" da tela principal do Selegen.

22.1 Várias Populações: Modelo 117

Modelo Estatístico

$y = X_m + Z_p + Q_f + W_i + T_g$, em que y é o vetor de dados binários (0 e 1, para ausência e presença do alelo), m é média geral ou frequência alélica média, p é o vetor dos efeitos de população, f é o vetor dos efeitos de progênie dentro de população, i é o vetor dos efeitos de indivíduos dentro de progênes dentro de população, g é o vetor dos efeitos de alelos dentro de indivíduos dentro de progênes dentro de população. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados**Observações População Média Progênie Indivíduo Indiv/Prog Locos**

Exemplo: Avaliação de 1 loco em 1 Indivíduos de 2 progênies.

Observações	População	Média	Progênie	Indivíduo	Indiv/Prog	Loco 1
1	1	1	1	1	1	1
2	1	1	1	1	1	0
3	1	1	1	2	2	1
4	1	1	1	2	2	1
5	1	1	1	3	3	0
6	1	1	1	3	3	0
7	1	1	1	4	4	1
8	1	1	1	4	4	1
9	1	1	2	5	1	1
10	1	1	2	5	1	0
11	1	1	2	6	2	1
12	1	1	2	6	2	0
13	1	1	2	7	3	1
14	1	1	2	7	3	1
15	1	1	2	8	4	0
16	1	1	2	8	4	0
17	1	1	2	9	5	1
18	1	1	2	9	5	1
19	2	1	3	10	1	0
20	2	1	3	10	1	0
21	2	1	3	11	2	1
22	2	1	3	11	2	1
23	2	1	3	12	3	1
24	2	1	3	12	3	0
25	2	1	3	13	4	1
26	2	1	3	13	4	1
27	2	1	4	14	1	1
28	2	1	4	14	1	0
29	2	1	4	15	2	1
30	2	1	4	15	2	0
31	2	1	4	16	3	1
32	2	1	4	16	3	1

A numeração de indivíduos deve ser seqüencial através das progênes

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vpop: componente de variância entre populações.

Vprog: componente de variância entre progênes dentro de populações.

Vind: componente de variância entre indivíduos dentro de progênes dentro de populações.

Vgen: componente de variância associada a alelos dentro de Indivíduos dentro de progênes dentro de populações.

Vtot: variância total.

c2pop: h²: coeficiente de determinação associado ao fator populações.

c2prog = c₂: coeficiente de determinação associado ao fator progênie dentro de populações.

cind = c₂₁: coeficiente de determinação associado ao fator indivíduo dentro de progênie dentro de populações.

cgen =coeficiente de determinação associado ao fator alelos dentro de indivíduos dentro de progênes dentro de populações.

Freqüência alélica.

Genética de Populações

Fst: correlação de alelos entre indivíduos dentro de população.

Fis: correlação entre alelos dentro de indivíduos dentro de população.

Fit: correlação total entre alelos dentro de indivíduos ou coeficiente de endogamia total resultante da endogamia dentro de população mais a endogamia devido à subdivisão entre populações.

Teta: coeficiente de coancestria entre os indivíduos nas progênes.

S: taxa de autofecundação.

T: taxa de cruzamento.

Nef: tamanho efetivo de uma família.

Net: tamanho efetivo total considerando todas as famílias.

Frequência Alélica por População

Ordem	População	p
1	4	0,5797
2	8	0,5797
3	1	0,5795
4	6	0,5795
5	3	0,5795

22.2 Uma População: Modelo 118**Modelo Estatístico**

$y = X_m + Z_p + W_i + T_g$, em que y é o vetor de dados binários (0 e 1, para ausência e presença do alelo), m é média geral ou frequência alélica média, p é o vetor dos efeitos de progênie, i é o vetor dos efeitos de indivíduos dentro de progênies, g é o vetor dos efeitos de alelos dentro de indivíduos dentro de progênies. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados**Observações Progênie Média Indivíduo Indiv/Prog Loco 1**

Exemplo: Avaliação de 1 loco em 9 indivíduos de 2 progênies.

Observações	Progênie	Média	Indivíduo	Indiv/Prog	Loco 1
1	1	1	1	1	1
2	1	1	1	1	0
3	1	1	2	2	1
4	1	1	2	2	1
5	1	1	3	3	0
6	1	1	3	3	0
7	1	1	4	4	1
8	1	1	4	4	1
9	2	1	5	1	1
10	2	1	5	1	0
11	2	1	6	2	1
12	2	1	6	2	0
13	2	1	7	3	1
14	2	1	7	3	1
15	2	1	8	4	0
16	2	1	8	4	0
17	2	1	9	5	1
18	2	1	9	5	1

A numeração de indivíduos deve ser seqüencial através das progênes

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vprog: componente de variância entre progênes.

Vind: componente de variância entre indivíduos dentro de progênes.

Vgen: componente de variância associada a alelos dentro de indivíduos dentro de progênes.

Vtot: variância total.

c2prog = h2: coeficiente de determinação associado ao fator progênie.

cind = c2: coeficiente de determinação associado ao fator indivíduo dentro de progênie.

cgen = coeficiente de determinação associado ao fator alelos dentro de indivíduos dentro de progênes.

Freqüência alélica.

Genética de Populações

Fis: correlação entre alelos dentro de indivíduos dentro de população.

Teta: coeficiente de coancestria entre os indivíduos nas progênes.

S: taxa de autofecundação.

T: taxa de cruzamento.

Nef: tamanho efetivo de uma família.

Net: tamanho efetivo total considerando todas as famílias.

Freqüência Alélica por Progênie

Ordem	Progênie	p
1	4	0.5797
2	8	0.5797
3	1	0.5795
4	6	0.5795
5	3	0.5795

23 AUTOCORRELAÇÃO ESPACIAL E ANÁLISE DE RESÍDUOS

A análise de resíduos geralmente envolve o estudo da normalidade, da homogeneidade de variâncias e da independência entre os resíduos. A normalidade dos resíduos pode ser verificada por meio da análise da curtose e da assimetria via o modelo 105. Para isso deve-se criar um novo arquivo contendo os resíduos ao invés das variáveis originais e rodar esse novo arquivo no modelo 105. Basta substituir no arquivo original as variáveis pelos resíduos. Os resíduos são apresentados nos arquivos com extensão .dev. Ao rodar esse arquivo no modelo 105 é importante assinalar a opção zeros significativos para que os valores negativos dos resíduos sejam considerados na análise. A homogeneidade de variâncias residuais pode ser verificada pelo arquivo com extensão .het e também, de maneira mais formal, pela verificação da significância dos efeitos de tratamentos quando se analisam os resíduos ao invés das variáveis originais (teste de Levene), usando o modelo em questão.

Os coeficientes de autocorrelação entre resíduos (e seus desvios padrões) nos sentidos das linhas (ou entre colunas) e das colunas (ou entre linhas) podem ser obtidos pelo modelo 113. Tal modelo fornece também o valor da estatística DW para o teste de independência de resíduos de Durbin-Watson e também as autocovariâncias nos dois sentidos. Para rodar o modelo 113 deve-se fornecer um arquivo com extensão .txt com a seguinte seqüência de colunas: Linha Coluna Resíduo, com ordenamento por linha e em seguida por coluna. Deve-se deixar uma linha de cabeçalho. Tal arquivo pode ser obtido facilmente tomando-se os resíduos dos modelos 56 a 58, que englobam experimentos plantados originalmente nos delineamentos em blocos e em látice, porém analisados no delineamento generalizado de linha e coluna. A significância dessas correlações indicará ou não a necessidade de análise espacial no experimento. Se as correlações forem significativamente diferentes de zero ou um, recomenda-se a análise espacial.

24 SELEÇÃO PELA DISTRIBUIÇÃO DO MÁXIMO E COM BASE NO CONCEITO DE MÉDIA HARMÔNICA

A predição BLUP produz valores genéticos preditos que são funções da média aritmética das observações. Os valores genéticos podem ser obtidos também como função da média harmônica das observações, considerando a homogeneidade das observações dentro de famílias, permitindo a seleção de famílias mais homogêneas. Podem também ser obtidos com base na média dos melhores indivíduos de cada família, permitindo a seleção de famílias com capacidade de produzir indivíduos extremos ou com valores máximos (Resende e Barbosa, 2005). A seleção de famílias com base nesses dois conceitos pode ser realizada pelo modelo 149 do Selegen-Reml/Blup. Para rodar esse modelo utiliza-se o arquivo de resultados, modificado conforme descrito para o modelo 106 (tópico 17). Outra forma de seleção de famílias é por meio de um índice combinando o efeito genotípico da família e o ganho genético (ou variabilidade) dentro delas.

25 ANÁLISE ESPACIAL

Modelos com efeitos aleatórios de genótipos mais efeitos residuais modelados por processo autoregressivo separável de primeira ordem em duas dimensões estão sendo incorporados, conforme descrito por Resende e Thompson (2003) e Resende et al. (2006).

26 ANÁLISE DE COMPETIÇÃO E ESPACIAL

Modelos com efeitos aleatórios de genótipos, diretos e indiretos em seus vizinhos via competição mais efeitos residuais modelados por processo autoregressivo separável de primeira ordem em duas dimensões estão sendo incorporados, conforme descrito por Resende e Thompson (2003) e Resende et al. (2005).

27 ESTUDO DA ESTRUTURA DE CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES, ÍNDICE DE SELEÇÃO E ANÁLISE MULTIVARIADA

27.1 Estatística Geral (Modelo 105)

Nesse modelo são fornecidas as seguintes estatísticas: média, variância, desvio, CV, mínimo, máximo, assimetria, curtose, matrizes de covariâncias e de correlações. Para rodar tal modelo, duas informações devem ser fornecidas: o número de variáveis e em que coluna (após as variáveis classificatórias) do arquivo de dados encontra-se a primeira variável. No Selegen Windows, o modelo 105 pode ser encontrado na caixa “Estatística Geral” da tela principal

27.2 Correlação entre Caracteres (Modelos 102 e 105)

As correlações fenotípicas entre os caracteres são prontamente obtidas submetendo-se o arquivo de dados ao modelo 105. As correlações genotípicas ou correlação entre os valores genotípicos podem ser obtidas pelo modelo 102, após rodar cada uma das variáveis de interesse segundo o modelo adequado. No Selegen Windows, o modelo 102 pode ser encontrado na caixa “Correlações Genéticas” da tela principal. As correlações residuais podem ser obtidas criando-se um novo arquivo contendo os resíduos ao invés das variáveis originais e rodando esse novo arquivo no modelo 105. Basta substituir no arquivo original as variáveis pelos resíduos. Os resíduos são apresentados nos arquivos com extensão .dev. Ao rodar esse arquivo no modelo 105 é importante assinalar a opção zeros significativos para que os valores negativos dos resíduos sejam considerados na análise.

27.3 Índice de Seleção Envolvendo os Vários Caracteres (Modelo 101)

Índices de seleção visando ganho em um agregado genotípico formado por vários caracteres podem ser obtidos no Selegen por meio de três abordagens alternativas via o modelo 101: (a) índice aditivo em que são fornecidas as importâncias econômicas relativas ou pesos dos caracteres; (b) índice multiplicativo, em que o agregado genotípico refere-se ao produto dos caracteres; (c) índice de rank médio, adaptado de Mulamba e Mock, em que os valores genotípicos são classificados para cada caráter e a média dos *rankings* de cada genótipo para todos os caracteres são apresentados como resultado final. O índice aditivo trabalha com os valores genéticos padronizados. Esses índices podem ser obtidos após rodar cada uma das variáveis de interesse segundo o modelo adequado. No Selegen Windows, o modelo 101 pode ser encontrado na caixa “Índice de Seleção” da tela principal. O programa trabalha com os valores genotípicos preditos e não com os valores fenotípicos.

O programa permite especificar se o interesse da seleção refere-se aos maiores (“maior”) ou menores (“menor”) valores genéticos preditos de cada caráter, propiciando a definição da direção da seleção do maior para o menor ou do menor para o maior. Permite também desconsiderar o caráter no índice de seleção por meio da opção “nula”.

27.4 Agrupamento de Genótipos com Base em Divergência Genotípica Multivariada e Eliminação de Variáveis Redundantes via Componentes Principais (Modelos 103 e 104).

Para agrupamento de materiais genéticos em grupos com homogeneidade dentro de grupos e heterogeneidade ou divergência entre grupos as duas técnicas principais são a Análise de Componentes Principais (ACP) e a Análise de Agrupamento (AA), ambos aplicados sobre valores genéticos preditos. Trabalhando com valores genéticos, a ACP não necessita considerar a matriz de dispersão residual (como o faz a técnica de variáveis canônicas), pois a mesma já terá sido considerada por ocasião da predição dos valores genéticos. Portanto, o uso da técnica de variáveis canônicas não se justifica quando se trabalha com valores genéticos preditos ao invés de médias fenotípicas.

A ACP permite adicionalmente o estudo da estrutura de covariância e correlação entre as variáveis, possibilitando selecionar variáveis relevantes e descartar variáveis redundantes na avaliação genotípica. No Selegen, o modelo 103 realiza a ACP completa baseada nos valores genotípicos, permitindo o agrupamento genotípico e o descarte de variáveis redundantes (usando as correlações entre as variáveis e os componentes principais). São fornecidos: matriz de covariância, matriz de correlação, valores genéticos padronizados, autovalores e autovetores, proporção da variabilidade explicada pelos autovalores, escores dos componentes principais, correlação entre as variáveis e os componentes principais.

No modelo 104, três medidas de divergência genotípica são calculadas: distância euclidiana média em nível genotípico; quadrado da distância euclidiana em nível genotípico; distância estatística de Mahalanobis em nível genotípico. Essas distâncias propiciam a obtenção de três agrupamentos alternativos, segundo o método de Tocher (Rao, 1952). No Selegen Windows, os modelos 103 e 104 podem ser encontrados na caixa "Análise Multivariada: Divergência Genética e Agrupamento" da tela principal. Essas análises podem ser obtidas após rodar cada uma das variáveis de interesse segundo o modelo adequado. O modelo 104, quando aplicado sobre uma só variável, fornece um teste de médias não-ambíguo, via o agrupamento de Tocher.

Os modelos 103 e 104 podem também ser usados para agrupamento de dados não gerados no Selegen. No modelo 104 basta fornecer o nome do arquivo de extensão .txt que contenha uma coluna com as distâncias entre os genótipos (ou entre tratamentos). A primeira linha dessa coluna deve informar o número total de genótipos e nas demais linhas deve-se colocar sequencialmente as distâncias referentes às combinações 1-2, 1-3,...,1-g, 2-3,...,(g-1)-g, em que g é o número de genótipos. Tal modelo pode ser usado também para o agrupamento de locais de melhoramento tendo por base as correlações genotípicas (rgloc) entre pares de locais. Nesse caso, ao invés das distâncias, o arquivo deve conter o complemento das referidas correlações, ou seja $(1 - rgloc)$, estatística essa que é um indicador da distância entre locais. Para o modelo 103 deve ser fornecido o nome do arquivo de extensão .txt que contenha a matriz de médias de genótipos para todas as variáveis. Na primeira linha e coluna desse arquivo deve-se informar o número de variáveis e nas linhas abaixo a identificação dos genótipos, com correspondentes valores das variáveis nas demais colunas.

28 BLUP COM PARÂMETROS FORNECIDOS PELO USUÁRIO

O BLUP pode ser obtido opcionalmente em todos os modelos por meio do fornecimento dos parâmetros h² e c² pelo usuário, de acordo com estimativas prévias ou obtidas de literatura. Isto pode ser feito quando o conjunto de dados não permite obter estimativas fidedignas dos parâmetros genéticos mas, mesmo assim, deseja-se obter a predição dos valores genéticos e a estimação de ganhos genéticos.

Pode ser usado também para comparar valores obtidos de h^2 , com valores médios de literatura, via LRT, conforme descrito no tópico 3.2. Nesse caso, fixa-se o valor médio de literatura na opção BLUP e compara-se a deviance desse ajuste com a deviance do ajuste usando os próprios dados experimentais, conforme descrito por Resende (2002, pág. 456).

29 BLUP SOB HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIA RESIDUAL ENTRE TRATAMENTOS

O BLUP sob heterogeneidade de variância residual entre tratamentos pode ser obtido opcionalmente em vários modelos por meio da escolha da opção BLUP-HET, conforme descrito no tópico 3.1. Nesse caso, cada tratamento terá uma herdabilidade individual específica em função da variação residual própria de cada tratamento. Isso se verifica devido ao fato dos diferentes níveis de segregação genética dentro de cada tratamento e, ou, porque cada tratamento experimenta ambientes mais ou menos heterogêneos entre eles, simplesmente em razão da amostragem ambiental, particularmente sob pequeno número de repetições.

30 ANÁLISES COMBINANDO DIFERENTES DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS

No Selegen os delineamentos de blocos completos e incompletos podem ser combinados ou analisados simultaneamente usando os modelos para blocos incompletos. Todos os blocos são ajustados como efeitos aleatórios na coluna “bloco” do arquivo. Adicionalmente, dois efeitos fixos (efeitos de delineamento) são ajustados na coluna “repeticao” do arquivo: um nível para os experimentos no delineamento de blocos completos e outro nível para os experimentos no delineamento de blocos incompletos. Este procedimento é estatisticamente correto uma vez que ele ajusta blocos dentro de cada tipo de delineamento. Outra opção é manter a numeração dos blocos completos na coluna de efeitos fixos e atribuir um único código para eles na coluna de blocos incompletos.

31 ANÁLISES COMBINANDO DIFERENTES TAMANHOS DE PARCELA

No Selegen, delineamentos com diferentes tamanhos de parcela (por exemplo, uma e várias plantas por parcela) podem ser analisados, simultaneamente, usando os modelos para várias plantas por parcela e para blocos incompletos, os quais ajustam efeitos de parcela. Entretanto, para os dados advindos de experimentos com uma só planta por parcela, apenas um código de parcela deve ser usado para todos os dados, na coluna “parcela”. Adicionalmente, dois efeitos fixos (em um fator referente ao tipo de delineamento quanto ao tamanho de parcela) devem ser ajustados na coluna “repeticao” do arquivo de dados: um nível para os experimentos em parcelas lineares e outro nível para os experimentos com uma planta por parcela. Este procedimento é estatisticamente correto pois ajusta nenhum efeito de parcela para os experimentos com uma planta por parcela uma vez que toda informação associada ao código dado a parcela, será, nesse caso, sugada pelo efeito fixo associado ao tipo de delineamento quanto ao tamanho de parcela. Modelos para blocos incompletos deverão ser usados como um meio de ajustar os efeitos de blocos, nesse caso como efeitos aleatórios.

32 ANÁLISES COMBINANDO DIFERENTES TIPOS DE PROGÊNIES

No Selegen, experimentos com diferentes tipos de progênie (por exemplo, progênies de meios irmãos e de irmãos germanos obtidos de diferentes genitores) podem ser analisados, simultaneamente, usando-se os modelos para testes de progênies de polinização controlada (irmãos germanos) e para blocos incompletos, os quais ajustam efeitos de progênies de irmãos germanos. Entretanto, para os dados advindos de experimentos com progênies de meios irmãos, apenas um código de progênie

deve ser usado para todos os dados, na coluna “progênie”. Adicionalmente, dois efeitos fixos (em um fator referente ao tipo de progênie) devem ser ajustados na coluna “repeticao” do arquivo de dados: um nível para as progênies de meios irmãos e outro nível para as progênies de irmãos germanos. Este procedimento é estatisticamente correto pois ajusta nenhum efeito de progênie para os experimentos com progênies de meios irmãos, uma vez que toda informação associada ao código dado a progênie, será, nesse caso, sugada pelo efeito fixo associado ao tipo de progênie. Modelos para blocos incompletos deverão ser usados como um meio de ajustar os efeitos de blocos, nesse caso como efeitos aleatórios.

33 ANÁLISE SIMULTÂNEA DE TRATAMENTOS REGULARES E TESTEMUNHAS

Deve-se criar, na coluna de repetição, os efeitos fixos de população dos indivíduos pertencentes aos tratamentos regulares do experimento (população 1) e efeitos fixos de população dos indivíduos pertencentes às testemunhas (população 2 referente a indivíduos de uma testemunha, população 3 referente a indivíduos de uma outra testemunha, etc). Modelos para blocos incompletos deverão ser usados como um meio de ajustar os efeitos de blocos, nesse caso como efeitos aleatórios.

34 ANÁLISE DE EXPERIMENTOS NO DELINEAMENTO DE NELDER

Experimentos no delineamento de Nelder são usualmente empregados em estudos de espaçamento em espécies perenes. Em cada roda de Nelder podem ser avaliados simultaneamente diferentes espaçamentos e diferentes materiais genéticos (progênies, clones, etc). Análises desses experimentos podem ser realizadas pelo Selegen empregando-se os modelos 20 (para avaliação de clones) e modelo 19 (para avaliação de famílias de meios irmãos). Nesse caso, os efeitos de círculos devem ser ajustados como efeitos fixos na coluna de blocos e são referentes aos efeitos de espaçamento. Em cada círculo a progênie ou clone aparece uma só vez como se fosse parcelas de uma planta. Por outro lado, os efeitos de linhas ou filas (com diferentes materiais genéticos) devem ser ajustados na coluna de progênies ou clones. Assim, é possível uma inferência simultânea para a melhor progênie no melhor espaçamento, bem como a estimação de parâmetros genéticos. Para escolha do melhor espaçamento, o crescimento médio obtido em cada espaçamento deve ser multiplicado pelo número de árvores por hectare propiciado por cada espaçamento. Outros métodos de análise de experimentos no delineamento de Nelder também existem.

Se mais de uma roda ou repetição for utilizada, pode-se empregar o modelo 54, considerando-se os efeitos de espaçamento como diferentes experimentos ou locais e os efeitos de círculos (seqüenciais através de locais) como blocos.

35 ANÁLISE DE EXPERIMENTOS COM PARENTESCO EXATO ENTRE INDIVÍDUOS DE UMA PROGÊNIE

Atualmente o conhecimento do parentesco exato entre os indivíduos de uma progênie, obtido via informações moleculares, propicia uma mais precisa estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos. Os modelos 107 a 112 do Selegen, constantes da janela “Sistema Reprodutivo Misto”, permitem usar essa informação do parentesco exato. Os coeficientes de parentesco obtidos devem ser usados no cálculo do tamanho efetivo (N_e). Esse N_e deve ser convertido em coeficiente de endogamia $F = 1/(2N_e)$ e essa endogamia deve ser convertida em taxa de autofecundação $S = 2F / (1 + F)$. Essa taxa S deve ser informada ao Selegen.

Essa taxa S pode também ser obtida diretamente via marcadores moleculares ou via informações fenotípicas de campo pela expressão $(1 + S)^2 = 4 Vg(pa) / Vg(s1)$, em que $Vg(pa)$ e $Vg(s1)$ são as variâncias genéticas entre progênies de polinização aberta e S1's respectivamente, conforme Resende (2002). Essa expressão é válida para caracteres com herança predominantemente aditiva.

36 ANÁLISE DE REDE EXPERIMENTAL ENVOLVENDO VÁRIAS GERAÇÕES, VÁRIOS TIPOS DE PROGÊNIE (POLICRUZAMENTO E POLINIZAÇÃO CONTROLADA), VÁRIOS SÍTIOS, VÁRIAS IDADES DE AVALIAÇÃO E VÁRIOS ANOS DE PLANTIO

36.1 SIBEA-GADAEDET-DAIC, Genitores não Aparentados (Modelo 160)

Modelo Linear Misto para Avaliação Genotípica de *Pinus radiata* no Chile

Fatores do Modelo Ótimo de Avaliação Genética

O *Pinus radiata* é uma das espécies florestais com maior grau de melhoramento no mundo, especialmente na Austrália, Chile e Nova Zelândia. Outras espécies como o *Pinus taeda* e o *Pinus elliottii* também apresentam elevado grau de melhoramento nos Estados Unidos.

SIBEA

O melhoramento dessas espécies contempla dados de avaliação fenotípica de campo envolvendo vários sítios ou regiões de plantio (S), várias idades de avaliação (I), vários blocos em experimentos delineados em blocos completos ou incompletos (B), vários experimentos dentro de sítios (E), diferentes anos de plantio (A). Esse conjunto de efeitos ambientais pode ser resumido na sigla SIBEA. Além do ajuste para esses efeitos predominantemente ambientais, outros efeitos genéticos devem ser contemplados em complexos modelos estatísticos para uma eficiente avaliação genética de centenas de milhares de Indivíduos.

GADAEDET

Tais modelos devem contemplar também os seguintes efeitos genéticos e suas interações com os efeitos ambientais de sítios: diferentes gerações de melhoramento (G), efeitos genéticos aditivos (A), efeitos genéticos de dominância (D), efeitos da interação dos efeitos genéticos aditivos com ambiente (AE), efeitos da interação dos efeitos genéticos de dominância com ambiente (DE), efeitos de diferentes estruturas genéticas quanto ao tipo (T) de progênies: meios irmãos, irmãos germanos e testemunhas clonais ou de polinização aberta ou controlada de outras populações. Esse conjunto de efeitos genéticos pode ser resumido na sigla GADAEDET.

DAIC

Além dos efeitos mencionados, o modelo computacional deve ser capaz de admitir que alguns genitores são utilizados tanto como mães quanto pais nos cruzamentos em esquema dialélico (D), de ajustar efeitos em nível de árvores individuais (AI) e informar também sobre os efeitos de cruzamentos (C). Esse conjunto de efeitos de nível de informação pode ser resumido na sigla DAIC.

Modelo Ótimo de Avaliação Genética

O modelo ótimo de análise contempla os efeitos ambientais SIBEA, os efeitos genéticos GADAEDET e os efeitos de nível de informação DAIC. Tal modelo pode então ser denominado SIBEA – GADAEDET – DAIC. Tal modelo pode ser simplificado para SBEA – GADAEDET – DAIC quando somente dados de uma única idade são incorporados na análise. A seguir será discutido como o modelo ótimo deve contemplar cada um desses efeitos e níveis de informação.

Os efeitos ambientais de experimentos e anos de plantio são distribuídos nos efeitos de blocos codificados seqüencialmente através dos locais ou sítios de plantio. O ajuste apenas dos efeitos de blocos é suficiente pois blocos são hierárquicos em relação a experimentos e, portanto, todo o conjunto de blocos contempla a variação entre experimentos. Tais efeitos de blocos devem ser considerados como aleatórios visando recuperar informação genética neles retida, pelo fato de que cada bloco (e também experimento) é incompleto no sentido de que não contém todas as famílias em avaliação e também, principalmente, porque são em grande número, fato que não suporta a definição de efeitos fixos. Os efeitos de sítios são considerados como fixos pois: (i) geralmente são em pequeno número (5 ou menos); (ii) são aproximadamente completos porque, em geral, todos os ensaios são instalados em todos os sítios. Dessa forma, os blocos, tomados como aleatórios, são ajustados para uma base dentro de sítio, ou seja, estão associados à uma variação entre blocos dentro de sítios.

O fator idade e seus efeitos pode ser modelado por três alternativas: (i) como efeito fixo; (ii) como covariável; (iii) via padronização, ponderando-se os dados pelo inverso do desvio padrão fenotípico de cada idade. Em termos estatísticos, uma padronização completa de uma variável aleatória é dada por $(y - u) / SD$, em que u é a média ou esperança matemática de y , ou seja, $E(y)$. Nesse caso, $E(y)$ é ajustado como efeito fixo e equivale à média da idade. No entanto, para ser ajustada como efeito fixo, cada idade deve ter uma grande quantidade de informações de forma a não se reter efeito genético na idade. Outra alternativa é agrupar várias idades em classes de idades com maior número de informações.

Portanto, as duas coisas (ajustar para a média da idade como efeito fixo e dividir pelo desvio padrão) contribuem para corrigir para os efeitos de idade. Porém, a divisão pelo desvio padrão é mais importante e efetiva. Se não houver um bom ajuste para os efeitos de idade, a variação entre idades (entre materiais genéticos com diferentes idades) é distribuída como variação genética e isso não é correto.

Por outro lado, o ajuste da idade como covariável é recomendado quando existe um grande número de idades as quais não podem ser agrupadas em poucos níveis para serem ajustados como efeitos fixos.

A padronização para o efeito de idades pode envolver também a extrapolação para uma idade média comum ou para uma idade de colheita. Nesse caso, tal padronização é dada por $(SD_{F_{25}} / SD_{F_i})$, em que $SD_{F_{25}}$ é o desvio padrão na idade de colheita (25 anos) e SD_{F_i} é o desvio padrão na idade i de avaliação. Com esse tipo de padronização os resultados de valores genéticos preditos já saem na escala de interesse para a inferência.

Os efeitos de geração de melhoramento podem ser considerados de duas formas: (i) como fixos, quando não se usa a matriz de parentesco completa no processo de estimação/predição; (ii) ignorados, quando se usa a matriz de parentesco completa. No primeiro caso, os efeitos fixos estimados

de geração devem ser somados aos valores genéticos preditos dos Indivíduos, antes de ordená-los para a seleção.

Os efeitos de tipo de progênie (meios irmãos, irmãos completos e testemunhas) devem ser tratados como fixos visando (i): separar materiais genéticos de diferentes populações (progênie e testemunhas); (ii) separar materiais com diferentes estruturas genéticas (meios irmãos e irmãos completos), pois é fundamental diferenciar progênie de polinização aberta e controlada. Isso porque entre progênie de polinização aberta não existe efeitos de dominância.

Assim, os efeitos fixos do modelo são dados pela combinação geração-tipo de progênie-sítio-idade (GTSI) no caso em que não se dispuser da matriz de parentesco completa. Com o uso da matriz de parentesco completa o ajuste de TSI é suficiente. Ignorando também o ajuste de idade como efeito fixo (quando se ajusta idade como covariável ou quando se trabalha com uma idade mínima comum para todos os ensaios, por exemplo), o ajuste se reduz à combinação tipo-sítio (TS).

O tamanho de cada GTSI ou TS deve ser suficientemente grande de forma a não reter efeito genético e propiciar uma eficiente estimação de cada nível do efeito fixo. A combinação GTSI ajusta para todos esses efeitos fixos e suas interações.

Os efeitos genéticos e suas interações devem ser tratados como aleatórios. Assim, A, AE, D e DE devem ser ajustados como efeitos aleatórios. O modelo final então é dado por

$y = \text{média} + \text{Efeitos Fixos} + \text{Efeitos Aleatórios} + \text{Blocos} + \text{Erro} = \text{média} (u) + \text{GTSI} + A + AE + D + DE + \text{Blocos} + \text{Erro}$. No caso, AE e DE referem-se aos efeitos de interação aditiva de genitores com ambiente e de dominância das famílias de irmãos completos com ambiente, respectivamente. Ajustando tipo de progênie como efeito fixo (codificado com 1 para famílias de meios irmãos, 2 para famílias de irmãos completos e o próprio número para as testemunhas) e codificando todas as famílias que não contribuem com efeitos de dominância (meios irmãos e testemunhas) e seus genitores masculinos com o mesmo número (todas recebendo o número 1, por exemplo), os seguintes modelos são de fato ajustados para cada material genético:

$y = u + \text{GTSI} + A + AE + D + DE + \text{Blocos} + \text{Erro}$, para famílias de irmãos completos;

$y = u + \text{GTSI} + A + AE + \text{Blocos} + \text{Erro}$, para famílias de meios irmãos;

$y = u + \text{Testemunha} + \text{Blocos} + \text{Erro}$, para as testemunhas (que devem também ter suas mães codificadas com o mesmo número 1).

O modelo final contém apenas um fator de efeitos fixos e seis componentes de variância. Em termos genéticos contempla todos os efeitos e suas interações. É, portanto, um modelo parcimonioso e efetivo.

Estrutura Multivariada envolvendo Sítios e Idades e Aproximação Univariada

As avaliações em sítios e idades distintos poderiam ser tratadas como diferentes idades, contendo variâncias e herdabilidades específicas para cada combinação sítio-idade bem como covariâncias específicas para cada par dessas combinações. No entanto, tal modelo é superparametrizado e impossível de ser ajustado dado o alto número de combinações sítio-idade.

Assim, algumas transformações prévias dos dados, de forma a considerar os efeitos de escala e variâncias e herdabilidades específicas para cada de cada sítio e idade, são necessárias. Após essas correções, a abordagem univariada descrita acima será efetiva.

Correções comumente relatadas na literatura referem-se à divisão dos dados pelo desvio padrão da classe (por exemplo sítio-idade) a que pertencem. Esses desvios padrões podem ser fenotípico (S_f), genético (S_g) ou ambiental (S_e). Padronizar pelo desvio padrão genético, conforme realizado por Dutkowski et al. (2006) e McRae et al. (2004) parece um contra-senso. Isto porque são penalizados aqueles ambientes com maior expressão de variação genética e, possivelmente, com maior herdabilidade. Padronizar por S_f também pode conduzir a isso pois S_f contém uma função de S_g . Visando contornar isso, e ao mesmo tempo padronizar para uma escala média, Resende (2004) propôs o seguinte fator de correção para multiplicar os dados $F_c = (S_{f_m}/S_{f_i}) (S_{g_i}/S_{g_m}) = h_i/h_m$, em que os índices i e m referem-se aos ambientes específicos i e média dos ambientes, respectivamente. Essa expressão penaliza os ambientes com alta variação fenotípica (divisão por S_{f_i}) desde que não apresentem alta variação genética (multiplicação por S_{g_i} , como proporção da variação genética média S_{g_m}). Em outras palavras, penaliza ambientes com alta variação ambiental. Dito de outra forma, beneficia ambientes com maior raiz quadrada da herdabilidade (h_i) em relação à média dessas raízes quadradas de herdabilidade em todos os ambientes (h_m), ou seja, ambientes com maior expressão de variabilidade ou que contemplam materiais genéticos mais variáveis. Isso é coerente e desejável. Além disso, considera as herdabilidades em ambientes individuais à semelhança da análise multivariada.

Essa correção F_c é similar à correção pelo desvio padrão ambiental S_e . Isto pode ser visto, pela igualdade $S_{e_m}/S_e = (S_{f_m}/S_{f_i}) (1-h_m^2)^{1/2}/(1-h_i^2)^{1/2}$. O primeiro termo dessa expressão é igual ao primeiro termo da expressão F_c e o segundo termo $((1-h_m^2)^{1/2}/(1-h_i^2)^{1/2})$ é similar ao segundo termo (S_{g_i}/S_{g_m}) de F_c , no sentido de que quanto maior S_{g_i} maior h_i^2 e menor $(1-h_i^2)$, ou seja, maior é o peso em ambas as correções. Recentemente (Costa e Silva et al., 2005) concluíram que a correção por S_e foi adequada para aproximar um modelo multivariado e mostrou-se superior à correção por S_f . Isso corrobora que as correções por F_c e S_e são adequadas.

Assim, no caso específico dos vários experimentos avaliados em várias idades recomenda-se as correções:

- (i) dentro de idades: $F_{cd} = h_{ei}/h_{em}$, em que ei refere-se ao experimento i dentro de cada idade e em à média dos experimentos dentro de cada idade.
- (ii) entre idades: $F_{ce} = (S_{f_{im}}/S_{f_{ii}})$, em que $S_{f_{ii}}$ refere-se ao desvio padrão fenotípico da idade i e $S_{f_{im}}$ refere-se ao desvio padrão fenotípico médio de todas as idades.

Essa última correção entre idades remove tanto os efeitos de escala ambiental quanto genética. Portanto, assume que as idades são aproximadamente igualmente herdáveis, o que é razoável. A correção final é dada então por $F_c = h_{ei}/h_{em} (S_{f_{im}}/S_{f_{ii}})$.

Projeção dos Valores Genéticos Preditos para a Idade de Corte

Os valores genéticos preditos da forma especificada acima são dados em uma escala média de todas as idades avaliadas, provavelmente a idade mediana ou a idade mais comum no conjunto de dados avaliados. Nesse caso, os valores genéticos podem ser projetados para a idade de corte (25 anos) por meio da expressão:

$VG_{i25} = u_{i25} + g_{im} rg_{im-i25} (Sg_{i25}/Sg_{im})$, em que g_{im} refere-se aos efeitos genéticos preditos pela abordagem acima (para uma idade média), u_{i25} refere-se à média geral na idade de corte, Sg referem-se aos desvios padrões genéticos nas idades especificadas pelos índices e rg_{im-i25} é a correlação genética entre a idade média e a idade de corte.

Essa abordagem assume pesos iguais aos dados de diferentes idades, ou seja, no modelo de análise, árvores de 6 ou 25 anos têm a mesma probabilidade de serem selecionadas. Isto é bom porque permite selecionar árvores jovens e da última geração de melhoramento. Por outro lado, não considera que árvores mais adultas têm maior precisão na avaliação visando ganhos na idade de corte (ou seja maior correlação com a idade de corte).

Uma forma de correção que considera isso pode ser derivada. Essa nova correção também já projeta todos os resultados para a idade de corte ou última idade avaliada e também corrige para os efeitos de escala. Considera também as diferentes herdabilidades nas diferentes idades. E as correlações genéticas são usadas tanto para projeção quanto para dar mais peso para as idades mais avançadas. Com esse método tudo já sai ajustado. No entanto, as árvores mais velhas têm maior probabilidade de serem selecionadas, pois têm maior correlação com a idade de corte. Entretanto, com a atualização do ranking em cada ano aumenta-se a probabilidade de seleção de árvores que não foram selecionadas no ano anterior.

Com esse novo método o fator de correção entre idades é dado por $Fe = rg_{ii-i25} h_{ii}/h_{i25} (Sf_{i25}/Sf_{ii})$. Os elementos na fórmula são:

Sf_{i25} : desvio padrão fenotípico na idade 25.

Sf_{ii} : desvio padrão fenotípico na idade i , com i variando até 25.

rg_{ii-i25} : correlação genética entre as idades i e 25.

h_{ii} : raiz quadrada da herdabilidade na idade i .

h_{i25} : raiz quadrada da herdabilidade na idade 25.

Para obter os valores de h_{ii} pode se fazer a média das herdabilidades dos ensaios dentro de cada idade.

As correlações genéticas podem ser dadas pela equação de Lambeth, dada por $rg_{ii-i25} = B_0 + B_1 \log_e (i/25) = 0.9818 + 0.1374 \log_e (i/25)$. Com base nessa expressão tem-se, por exemplo $rg_{i5-i25} = 0.9818 + 0.1374 \log_e (5/25) = 0.76$.

Uma outra padronização que pode ser usada refere-se a usar $Fe = (Sf_{i25}/Sf_{ii})$. Nesse caso, os resultados são projetados para a idade de 25 anos, porém usa pesos iguais para as diferentes idades, mantendo iguais probabilidades de seleção para materiais com diferentes idades. O ordenamento dos Indivíduos não se alterará em relação ao obtido pela padronização pela idade média, descrita inicialmente. Mas os resultados já estarão projetados para a idade de 25 anos.

Caso as avaliações sejam realizadas em uma mesma idade comum de 5 anos, não há necessidade de padronização para efeitos de idade e os valores genéticos podem ser projetados para a idade de corte (25 anos) por meio da expressão:

$$VG_{i_{25}} = u_{i_{25}} + g_{i_5} rg_{i_5-i_{25}} (Sg_{i_{25}}/Sg_{i_5}).$$

Modelo Estatístico do Modelo 160

$y = Xr + Za + Wi_f + Tf + Qb + Si_a + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos fixos (tipo de progênie, sítio ou local, idade e às vezes gerações) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios), b é o vetor dos efeitos de bloco (aleatórios), f é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (aleatórios), i_f é o vetor dos efeitos da interação dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos com locais (aleatórios), i_a é o vetor dos efeitos da interação dos efeitos genéticos aditivos com locais (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Local Indivíduo Pai Mãe Fixo Interação_f Progênie Bloco Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 3 progênies e uma testemunha, 4 genitores em 2 locais com 1 planta (árvore) por parcela. O código 1 para pai e mãe denota genitor desconhecido e para progênies denota que não existe progênie de irmãos completos.

Local	Indivíduo	Pai	Mãe	Tipo-Sítio	Interação _f	Progênie	Bloco	Arv/Parc	Var 1	Var 2
1	1	1	1	Test1	11	1	1	1	10.3	0.35
1	2	1	4	11	11	1	1	1	13.8	0.88
1	3	2	3	21	13	3	2	1	12.4	0.25
1	4	2	4	21	14	4	2	1	15.0	0.10
1	5	1	3	11	11	1	3	1	8.5	0.14
1	6	1	4	11	12	1	3	1	11.0	0.55
1	7	2	3	21	13	3	4	1	13.3	0.87
1	8	2	4	21	14	4	4	1	5.2	0.34
2	9	1	3	12	21	1	5	1	7.5	0.83
2	10	1	4	12	22	1	5	1	9.8	0.55
2	11	2	3	22	23	3	6	1	6.3	0.87
2	12	2	4	22	24	4	6	1	2.3	0.44
2	13	1	3	12	21	1	7	1	4.1	0.37
2	14	1	4	12	22	1	7	1	5.2	0.34
2	15	2	3	22	23	3	8	1	7.5	0.83
2	16	2	4	22	24	4	8	1	5.2	0.34

A coluna de Interação deve codificar combinações local-progênie. Assim, o código 12 representa local 1 progênie 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando =A2&G2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna G. Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vint(d): variância da interação capacidade específica de combinação x locais.

Vfam: variância da capacidade específica de combinação ou variância genética de dominância entre famílias de irmãos germanos.

Vbloc: variância entre blocos.

Vint (a): variância da interação dos efeitos aditivos com ambientes.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito no bloco, ou seja, dos efeitos aditivos.

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2int (d) = c2: coeficiente de determinação dos efeitos da interação capacidade específica de combinação x locais.

c2fam = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

c2bloc = c22: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

c2int (a) = c23: coeficiente de determinação dos efeitos da interação dos efeitos aditivos com ambientes.

rgloc: correlação genotípica de progênies através dos locais.

Média Geral.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 15.1.1 são igualmente válidos. Adicionalmente são apresentados os valores genéticos em cada local.

36.2 SIBEA-GADAEDET-DAIC, Genitores Aparentados (Modelo 161)

Esse modelo segue exatamente conforme descrito no item 36.1 porém necessita de um arquivo adicional, de pedigree, com a seguinte Seqüência de colunas: Genitor, Pai, Mãe.

37 ANÁLISE DE TESTES DE PROGÊNIES CLONADOS E ESTIMAÇÃO DE VARIÂNCIA EPISTÁTICA

37.1 Blocos Incompletos, Uma Planta por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 162)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Wc + Sf + Tb + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), c é o vetor dos efeitos de clone dentro de família de irmãos completos (aleatórios), f é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (aleatórios), b é o vetor dos efeitos de bloco (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Pai Mãe Repetição Clone Progênie Bloco Árvore Variável 1 Variável 2

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 8 clones de 4 progênies em 2 repetições com 4 blocos por repetição e 1 planta (árvore) por parcela.

Indivíduo	Pai	Mãe	Repetição	Clone	Progênie	Bloco	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	2	1	2	2	1	1	13.8	0.88
3	2	1	1	3	3	2	1	12.4	0.25
4	2	2	1	4	4	2	1	15.0	0.10
5	1	1	2	1	1	3	1	8.5	0.14
6	1	2	2	3	3	3	1	11.0	0.55
7	2	1	2	2	2	4	1	13.3	0.87
8	2	2	2	4	4	4	1	5.2	0.34
9	1	1	1	5	1	5	1	12.4	0.25
10	1	2	1	6	4	5	1	15.0	0.10
11	2	1	1	7	3	6	1	15.0	0.10
12	2	2	1	8	2	6	1	8.5	0.14
13	1	1	2	5	1	7	1	11.0	0.55
14	1	2	2	8	2	7	1	13.3	0.87
15	2	1	2	7	3	8	1	5.2	0.34
16	2	2	2	6	4	8	1	5.2	0.34

O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma. A numeração dos blocos deve ser seqüencial de uma repetição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições como aleatórios pode-se preencher toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral). Neste caso, os efeitos de repetições serão distribuídos, de forma confundida, nos efeitos de blocos.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vclone/fam: variância entre clones dentro de famílias de irmãos completos = Vc.

Vfam: variância da capacidade específica de combinação ou variância genética de dominância entre famílias de irmãos germanos.

Vbloc: variância entre blocos.

Ve: variância ambiental.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito no bloco, ou seja, dos efeitos aditivos.

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2epist = c2: coeficiente de determinação dos efeitos epistáticos.

c2fam = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

c2bloc = c22: coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

h2epist: herdabilidade dos efeitos epistáticos aditivo x aditivo.

Média geral do experimento.

Os componentes de variância apresentados acima podem ser decompostos da forma seguinte, conforme Resende (2002, p.459).

$$Va = \sigma_a^2 + (1/4)\sigma_{aa}^2 + (1/16)\sigma_{aaa}^2 + \dots$$

$$Vfam = (1/4)\sigma_d^2 + (1/8)\sigma_{aa}^2 + (1/8)\sigma_{ad}^2 + (1/16)\sigma_{dd}^2 \dots$$

$$Vc = (1/2)\sigma_a^2 + (3/4)\sigma_d^2 + (3/4)\sigma_{aa}^2 + (7/8)\sigma_{ad}^2 + (15/16)\sigma_{dd}^2 \dots$$

$$c2epist = (Vc - (1/2)Va - 3Vfam) / Vf = [(1/4)\sigma_{aa}^2 + (1/2)\sigma_{ad}^2 + (3/4)\sigma_{dd}^2] / Vf$$

$$h2epist = 4(Vc - (1/2)Va - 3Vfam) / Vf = (\sigma_{aa}^2 + 2\sigma_{ad}^2 + 3\sigma_{dd}^2) / Vf.$$

A h2epist pode ser comparada com h2d=(h2g-h2a) e h2a para se comparar as magnitudes relativas dos componentes dos efeitos aditivos, de dominância e epistasia aditiva x aditiva. Isto desde que os demais componentes da epistasia possam ser negligenciados, assumindo que sejam de menor magnitude. Nesse caso, melhores estimativas de h2a e h2d seriam h2a* = h2a - (1/4) h2epist e h2d* = h2d - (1/2) h2epist.

Esse modelo pode ser usado também para analisar testes clonais em conjunto com o teste de progênies da geração anterior. Nesse caso, aos indivíduos não clonados da geração anterior deve-se atribuir o mesmo número (por exemplo, o código 1 para todos eles) para todos eles na coluna de clones. O número de cada clone no teste clonal e de seu ortete no teste de progênies deve ser o mesmo.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no item 15.1.1 são igualmente válidos.

38 MÉTODO BLUP – VEG INDIVIDUAL PARA SELEÇÃO EM ESPÉCIES DE PROPAGAÇÃO VEGETATIVA (Modelo 163)

Um preditor BLUP de efeitos genotípicos individuais, com acurácia máxima, deve contemplar as diferentes quantidades de variação genética dentro das diferentes famílias, ou seja, a heterogeneidade de variância genética dentro das famílias. Essa heterogeneidade é decorrente dos diferentes níveis de segregação ou amostragem mendeliana de genes dentro de famílias. O BLUP individual considerando essa heterogeneidade é composto de duas partes: BLUP-HET dos efeitos genotípicos de família + BLUP-HET dos efeitos de indivíduo dentro de família. Assim, a heterogeneidade é considerada em duas etapas: entre famílias, contemplando a heterogeneidade de variância fenotípica residual; dentro de famílias, contemplando separadamente a heterogeneidade de variância genética e fenotípica residuais.

Esse método é denominado BLUP-VEG e reúne princípios do BLUP-HET, do BLUP individual e do BLUP da segregação ou amostragem mendeliana (BLUP-SAM). O BLUP-VEG é individual e dado por BLUP-VEG = BLUP-HET de família + BLUP-SAM dentro de família. O método utiliza também o BLUP da variância genética residual dentro famílias, ou seja, emprega não apenas BLUP de componentes de médias, mas também BLUP de componentes de variância.

Esse método é aplicável a todas as espécies de propagação assexuada, por via vegetativa ou apomixia, englobando, portanto, espécies florestais, frutíferas, forrageiras e algumas olerícolas e ornamentais. Assim, inclui também espécies autógamas perenes como o café arábica e o pessegueiro. Pode ser aplicado com famílias de meios irmãos, irmãos germanos, irmãos germanos sob cruzamentos dialélicos e fatoriais, testes de acessos ou procedências.

A separação da variância genética residual da variância residual total dentro de cada família é necessária para obtenção do componente BLUP-SAM do BLUP-VEG. O BLUP-SAM usa uma herdabilidade individual no sentido amplo dentro de família, específica para cada família. Os denominadores dessas herdabilidades são as próprias variâncias fenotípicas residuais dentro de cada família i ($\hat{\sigma}_{fd_i}^2$) e os numeradores devem ser determinados por $\hat{\sigma}_{gd_i}^2 = \hat{\sigma}_{fd_i}^2 - \hat{\sigma}_{ed_i}^2$. O componente ambiental $\hat{\sigma}_{ed_i}^2$ pode ser assumido como constante para todas as famílias, ou seja, pode-se assumir que a variação ambiental é a mesma ($\hat{\sigma}_{ed}^2$) para todos os indivíduos. Dessa forma, componente $\hat{\sigma}_{ed}^2$ pode ser estimado a partir da avaliação de alguns clones (pelo menos cinco e não pertencentes às famílias em avaliação) em conjunto com as progênies e será estimado como a média das variâncias residuais dentro desses clones, em um modelo que analisa simultaneamente as progênies e clones. Uma aproximação para obter é tomá-la como a menor variância fenotípica residual dentro de famílias, ou

seja, aquela associada à família menos variável. Isso não é exato, mas é um procedimento superior àquele em que se ignora a heterogeneidade de variância.

Uma terceira abordagem é a obtenção direta da variância genotípica dentro de famílias ($\hat{\sigma}_{gd_i}^2$) como um BLUP de componente de variância, a partir da análise de variância das próprias variâncias residuais dentro de famílias. Esse procedimento considera o controle genético das variâncias residuais ou segregação mendeliana. Nesse caso, o BLUP-VEG é dado por $\text{BLUP-VEG} = \text{BLUP-HET de família} + \text{BLUP-SAM dentro de família} = \text{BLUP-HET de família} + [(\text{BLUP de } (\sigma_{gd_i}^2)) / \hat{\sigma}_{jd_i}^2] * \text{Res}_{ij}$, em que Res_{ij} é o resíduo associado ao indivíduo j da família i . Preditores BLUP-VEG individual contemplando simultaneamente a heterogeneidade de variâncias, com herdabilidades entre e dentro de famílias específicas para cada família, podem ser obtidos pelo software Selegen-Reml/Blup. Maiores detalhes do método são apresentados por Resende (2007).

No Selegen-Reml/Blup, o BLUP-VEG é obtido pelo modelo 163, disponibilizado na janela "Modelos Mistos com Covariável" no delineamento de blocos incompletos. A entrada de dados é igual àquela do modelo 146, porém codificando-se bloco no lugar da coluna de parcela e clones no lugar da coluna de interação.

O programa permite duas formas de cálculo dos numeradores das herdabilidades da variância fenotípica residual dentro de famílias. Pela primeira ou terceira abordagens para obtenção de $\hat{\sigma}_{gd_i}^2$, um arquivo com extensão .seg deve estar presente no diretório de análise e deve conter os códigos de famílias em uma coluna e os referidos numeradores na segunda coluna. A segunda forma toma a menor variância residual como sendo a variância ambiental e é realizada diretamente pelo programa quando o arquivo com extensão .seg não está presente no diretório.

39 SOFTWARE SELEGEN GENÔMICA - REML/BLUP/GWS

A seleção genômica ou seleção genômica ampla (GWS) foi proposta recentemente por Meuwissen et al. (2001). A GWS usa associações de um grande número de marcadores SNPs (polimorfismos de um único nucleotídeo) em todo o genoma com os fenótipos, capitalizando no desequilíbrio de ligação entre os marcadores e QTLs proximalmente ligados, sem uma prévia escolha de marcadores com base nas significâncias de suas associações com o fenótipo. Predições são então obtidas para os efeitos dos haplótipos marcadores ou dos alelos em cada marcador. Essas predições derivadas de dados fenotípicos e de genótipos SNPs em alta densidade em uma geração são então usados para obtenção dos valores genéticos genômicos (VGG) dos indivíduos de qualquer geração subsequente, tendo por base os seus próprios genótipos marcadores. Haplótipos são definidos como combinações de dois alelos marcadores vizinhos. A seleção genômica baseada simultaneamente em um grande número de marcadores contrasta com a MAS, que é baseada em um número limitado de marcadores ou genes.

A seleção genômica é definida como a seleção simultânea para dezenas ou centenas de milhares de marcadores, os quais cobrem o genoma de uma maneira densa, de forma que todos os genes de um caráter quantitativo são esperados estar em desequilíbrio de ligação com pelo menos uma parte dos marcadores. Por probabilidade, cada QTL estará em desequilíbrio de ligação com pelo menos um marcador. Somente os marcadores em desequilíbrio de ligação com os QTL's é que explicarão os fenótipos e a variação genética. Os efeitos dos marcadores são estimados em uma

amostra de indivíduos pertencentes a várias famílias. Assim, o impacto de determinadas famílias específicas (com específicos padrões de desequilíbrio de ligação) nas estimativas dos efeitos dos marcadores será minimizado.

A estimação dos VGGs usa um conjunto de dados de referência que inclui indivíduos com ambos conhecidos, os genótipos (marcadores) e os fenótipos. Os valores genéticos estimados dos haplótipos em um grande número de supostos caracteres quantitativos são usados para a predição dos valores genéticos genômicos de indivíduos jovens candidatos à seleção e que foram genotipados para os marcadores mas não possuem informação fenotípica. Se toda variação genética puder ser explicada pelos haplótipos, não há necessidade de inclusão no modelo de predição, do efeito poligênico para levar em consideração a variação genética não explicada pelos haplótipos (variação genética residual). Na prática, se não há uma cobertura completa (mapa denso de marcadores) do genoma com SNPs, a inclusão do efeito poligênico pode tornar-se necessária.

A GWS é ampla porque atua em todo o genoma sem a necessidade prévia de identificar os marcadores com efeitos significativos e de mapear QTLs. Valores genéticos genômicos associados a cada marcador ou alelo são usados para fornecer o valor genético global de cada indivíduo. Há uma diferença básica na predição de valores genéticos tradicionais e na predição de valores genéticos genômicos. Nos primeiros, informações fenotípicas são utilizadas visando inferências sobre os efeitos dos genótipos dos indivíduos e, nos últimos, informações genotípicas são usadas visando inferências sobre os valores fenotípicos futuros (ou valores genéticos genômicos) dos indivíduos.

Esse método de seleção (GWS) permaneceu discreto por cerca de 5 anos, devido ao fato dos marcadores moleculares disponíveis à época serem caros e restritos. Recentemente, com o desenvolvimento e baixo custo dos marcadores tipo SNP (single nucleotide polymorphism), o método tornou-se muito atrativo e geneticistas e melhoristas renomados e adeptos de métodos tradicionais têm demonstrado e confirmado a superioridade e exequibilidade prática do método em benefício do melhoramento animal (Schaeffer, 2006; Kolbehdari et al. 2007; Meuwissen, 2007; Goddard & Hayes, 2007; Long et al. 2007; Legarra & Misztal, 2008) e vegetal (Bernardo, 2007). Esses trabalhos mostraram, definitivamente, que a seleção genômica terá grande utilidade no melhoramento genético, via métodos do tipo BLUP/GWS, que equivalem ao procedimento BLUP aplicado sobre dados moleculares e permitem a predição de valores genéticos genômicos. O software Selegen Genômica REML/BLUP, GWS implementa a GWS via REML/BLUP para algumas situações e Resende (2007, capítulo 11) descreve o procedimento REML/BLUP/GWS com mais detalhes.

40 AVALIAÇÃO CLONAL E SEMINAL SIMULTÂNEA DE GENITORES

40.1 Modelo Resistência a Doenças (Modelo 164)

Modelo Estatístico

$y = Xr + Za + Zd + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios), d é o vetor dos efeitos genéticos de dominância (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Esse modelo é comum na área de Fitopatologia, em que genitores são avaliados com base em vários rametes e também via seus descendentes via sementes obtidas de cruzamentos. Geralmente se usa o delineamento inteiramente ao acaso e, nesse caso, o vetor r destinado à repetições em blocos, é substituído por um escalar referente à média geral. O modelo 164 encontra-se na caixa “Clones Aparentados”.

Seqüência de Colunas no Arquivo de Dados

Família/Genitor Indivíduo Média Identificação Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições no delineamento inteiramente ao acaso.

Família/ Genitor	Indivíduo	Média	Identificação	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	1	1	12.4	0.25
3	2	1	1	8.5	0.14
4	2	1	1	5.2	0.34

Se o delineamento for em blocos ao acaso, a coluna referente à média deve ser substituída pelas repetições. A coluna de Indivíduos contempla tanto os genitores quanto os descendentes. É também necessário o arquivo de pedigree com a seguinte seqüência: Indivíduo Pai Mãe. É importante relatar que os genitores são ao mesmo tempo indivíduos e pai e/ou mãe. Assim, devem receber o mesmo código nas colunas Indivíduo, Pai e Mãe. Os efeitos de clones testemunhas podem ser ajustados na coluna para a média, atribuindo-se o seus próprios números identificadores.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Va: variância genética aditiva.

Vd: variância genética de dominância.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h^2_a = h^2$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

c^2_d : herdabilidade ou coeficiente de determinação individual dos efeitos de dominância.

h^2_g : herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

2. Componentes de Média (BLUP Individual)

Seleção de Indivíduos

Ordem	Indivíduo	a	d	g	u+g	Ganho	Nova Média
1	187425	42.9033	21.3590	64.2623	120.3972	64.2623	120.3972
2	186155	38.9343	19.3830	58.3173	114.4521	61.2898	117.4246
3	108645	31.9876	24.8860	56.8736	113.0084	59.8177	115.9526
4	108696	35.9926	17.9186	53.9112	110.0460	58.3411	114.4759
5	185162	35.8203	17.8328	53.6531	109.7880	57.4035	113.5383

em que:

a: efeito aditivo predito.

d: efeito de dominância predito.

g: efeito genotípico predito.

u + g: média genotípica ou valores genotípicos.

REFERÊNCIAS

- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 46, p. 269-278, 1992.
- BADILLA, Y.; MURILLO, O. Propuesta de un diseño de parcela para la investigación con espécies nativas en Costa Rica. **Kurú**, v. 25, p. 4-5, 1999.
- BERNARDO, R. Prospects for genome wide selection for quantitative traits in maize. **Crop Science**, v. 47, p.1082-1090, 2007.
- BOLDMAN, K. G.; KRIESE, L. A.; VLECK, L. D. van.; KACHMAN, S. D. **A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances**. Washington: ARS: USDA, 1995. 120 p.
- BORRALHO, N. M. G.; JARVIS, S. F.; POTTS, B. Multivariate restricted maximum likelihood estimation of genetic parameters for diameter at 3 to 5 years in the *Eucalyptus globulus* base population in Australia. In: POTTS, B.; BORRALHO, N. M. G.; REID, J. B.; CROMER, R. N.; TIBBITS, W. N.; RAYMOND, C. A. **Eucalypt plantations: improving fiber yield and quality**. Hobart: CRC: IUFRO, 1995. p. 230-232.
- BUENO FILHO, J. S. S. **Seleção combinada versus seleção sequencial no melhoramento de populações florestais**. 1992. 96 f. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – ESALQ, Piracicaba.
- BUENO FILHO, J. S. S. **Uso de modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais**. 118 f. 1997. Tese (Doutorado) – ESALQ, Piracicaba.
- CALUS, M. P. L.; VEERKAMP, R. F. Accuracy of breeding value when using and ignoring the polygenic effect in genomic breeding value estimation with a marker density of one SNP per cM. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, p. 362-368, 2007.
- COSTA e SILVA, J.; DUTKOWSKI, G. W.; BORRALHO, N. M. N. Across-site heterogeneity of genetic and environmental variances in the genetic evaluation of Eucalyptus globules trials for height growth. **Annals of Forest Science**, v. 62, p.183-191, 2005.
- DAETWYLER, H. D.; VILLANUEVA, B.; BIJMA, P.; WOOLLIAMS, J. A. Inbreeding in genome-wide selection. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, p. 369-376, 2007.
- DEKKERS, J. C. M. Prediction of response to marker assisted and genomic selection using selection index theory. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, p. 331-341, 2007.
- DEMPSTER, A. P.; LAIRD, N. M.; RUBIN, D. B. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. **Journal of the Royal Statistic Society**, London, v. 39, p. 1-38, 1977.
- DUARTE, J. B. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. 2000. 293 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – ESALQ, Piracicaba.
- DUTKOWSKI, G. W.; McRAE, T. A.; POWELL, M. B.; PILBEAM, D. J.; JOYCE, K.; TIER, B.; KERR, R. Benefits from data and pedigree integration in genetic evaluation. In: AUSTRALASIAN PLANT BREEDING CONFERENCE, 13., 2006, Christchurch. **Proceedings**. Christchurch: Australasian Plant Breeding Association, 2006. 1 CD-ROM.
- FEDERER, W. T. Augmented designs. **Biometrics**, v. 14, p. 134, 1958.
- FOULLEY, J. L. Algorithme EM: Théorie et application au modèle mixte. **Journal de la Société Française de Statistique**, v. 143, p. 57-109, 2002.

FOULLEY, J. L. **Le modèle linéaire mixte**. Paris: INRA, 2003. 139 p.

FOULLEY, J. L.; DELMAS, C.; ROBERT-GRANIER, C. Méthods du maximum de vraisemblance in modèle linéaire mixte. **Journal de la Société Française de Statistique**, v. 143, p. 5-52, 2002.

FOULLEY, J. L.; DYK, D. A. van. The PX-EM algorithm for fast and stable fitting of Henderson's mixed model. **Genetics, Selection, Evolution**, v. 32, p. 143-163, 2000.

FOULLEY, J. L.; QUAAS, R. L. Heterogeneous variances in gaussian linear mixed models. **Genetics Selection Evolution**, v. 27, p. 211-228, 1995.

GILMOUR, A. R.; THOMPSON, R. Modelling variance parameters in ASREML for repeated measures. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale: AGBU: University of New England, 1998. v. 27, p. 453-454.

GILMOUR, A. R.; THOMPSON, R.; CULLIS, B. R. Average information REML: an efficient algorithm for parameter estimation in linear mixed models. **Biometrics**, v. 51, p. 1440-1450, 1995.

GODDARD, M. E.; HAYES, B. J. Genomic selection. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, p. 323-330, 2007.

GRASER, H. U.; SMITH, S. P.; TIER, B. A derivative free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 64, n. 5, p. 1362-1370, 1987.

HENDERSON, C. R. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. **Biometrics**, v. 32, p. 69-83, 1976.

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

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

HENDERSON, C. R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, v. 9, p. 226-252, 1953.

HENDERSON, C. R. Estimation of variances in animal model and reduced animal model for single traits and single records. **Journal of Dairy Science**, v. 69, p. 1394-1402, 1986.

HENDERSON, C. R. **Sire evaluation and genetic trends**. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOUR OF J. LUSH, 1973, Champaign. **Proceedings...** Champaign: American Society of Animal Science, 1973. p.10-41.

HENDERSON, C. R.; QUAAS, R. L. Multiple trait evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**, v. 3, p. 1188-1197, 1976.

HOFER, A. Variance component estimation in animal breeding: a review. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 115, p. 247-265, 1998.

- JOHNSON, D. L.; THOMPSON, R. Restricted maximum likelihood estimation of variance components for univariate animal models using sparse matrix techniques and average information. **Journal of Dairy Science**, v. 78, p. 449-456, 1995.
- KAGEYAMA, P. Y.; VENCOVSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* Hill Maiden. **IPEF**, v. 24, p. 9-26, 1983.
- KENWARD, M. G.; ROGER, J. H. Small sample inference for fixed effects from restricted maximum likelihood. **Biometrics**, v. 53, n. 3, p. 983-997, 1997.
- KOLBEHDARI, D.; SHAEFFER, L. R.; ROBINSON, J. A. B. Estimation of genome-wide haplotype effects in half-sib designs. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, p. 356-361, 2007.
- LEGARRA, A.; MISZTAL, I. Computing strategies in genome-wide selection. **Journal of Dairy Science**, v. 91, n. 1, p. 360-366, 2008.
- LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 68, n. 3, p. 193-198, 1988.
- LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer Associates, Inc., 1997. 980 p.
- McRAE, T. A.; DUTKOWSKI, G. W.; PILBEAM, D. J.; POWELL, M. B.; TIER, B. Genetic evaluation using TREEPLAN system. In: McKEAND, S.; LI, B. **Forest genetics and tree breeding in the age of genomics**. Charlestone: North Carolina State University. 2004.
- MEUWISSEN, T. H. E. Genomic selection: marker assisted selection on genome-wide scale. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, p. 321-322, 2007.
- MEUWISSEN, T. H. E.; GODDARD, M. E.; HAYES, B. J. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, v. 157, p. 1819-1829, 2001.
- MEYER, K. An average information restricted maximum likelihood algorithm for estimating reduced rank genetic covariance matrices or covariance functions for animal models with equal design matrices. **Genetics, Selection, Evolution**, v. 29, p. 97-116, 1997.
- MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genetique, Selection, Evolution**, v. 23, p. 67-83, 1991.
- MEYER, K. Estimation of genetic parameters. In: HILL, W.G.; MACKAY, T. F. C. **Evolution and animal breeding**. Wallingford: CAB International, 1989. p. 161-167.
- MEYER, K. WOMBAT – digging deep for quantitative genetic analysis by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006. **Proceedings**. Belo Horizonte: Ed. da UFMG, 2006. 1 CD-ROM.

- MEYER, K.; KIRKPATRICK, M. Restricted maximum likelihood estimation of genetic principal components and smoothed covariance matrices. **Genetics, Selection, Evolution**, v. 37, p. 1-30, 2005.
- MISZTAL, I.; PEREZ-ENCISO, M. Sparse matrix inversion for restricted likelihood estimation of variance components by expectation-maximization. **Journal of Dairy Science**, v. 76, p. 1479-1483, 1993.
- MUIR, W. M. Comparison of genomic and traditional BLUP-estimated breeding value accuracy and selection response under alternative trait and genomic parameters. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, p. 342-355, 2007.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.
- PIEPHO, H. P.; MOHRING, J. Best linear unbiased prediction of cultivar effects for subdivided target regions. **Crop Science**, v. 145, p. 1151-1159, 2005.
- PIEPHO, H. P.; MOHRING, J. Selection in cultivar trials – is it ignorable? **Crop Science**, v. 146, p. 193-202, 2006.
- PIRES, I. E.; CRUZ, C. D.; BORGES, R. C. G.; REGAZZI, A. J. Índice de seleção combinada aplicada ao melhoramento de *Eucalyptus spp.* **Revista Árvore**, v. 20, n. 2, p. 191-198, 1996.
- RAO, C.R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Wiley and Sons, 1952. 390 p.
- RESENDE, M. D. V. de. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 47).
- RESENDE, M. D. V. de. Avanços da genética biométrica florestal. In: BANDEL, G.; VELLO, N. A.; MIRANDA FILHO, J. B. (Ed.). **Encontro sobre temas de genética e melhoramento: genética biométrica vegetal**. Anais. Piracicaba: ESALQ, 1997. p. 20-46.
- RESENDE, M. D. V. de. Correções nas expressões do progresso genético com seleção em função da amostragem finita dentro de famílias e populações e implicações no melhoramento florestal. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v. 22/23, p. 61-77, jan./dez. 1991.
- RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2002a. 975 p.
- RESENDE, M. D. V. de. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 560 p.
- RESENDE, M. D. V. de. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas. 2004. 65 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 100).
- RESENDE, M. D. V. de. **Software Selegen-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002b. 67 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 77).

RESENDE, M. D. V. de. **Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamentos de cruzamento e estrutura de populações no melhoramento florestal.** 1999. 434 f. Tese (Doutorado em Genética) - Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

RESENDE, M. D. V. de; BARBOSA, M. H. P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada.** Colombo: Embrapa Florestas, 2005. 130 p.

RESENDE, M. D. V. de; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 3, p. 421-429, 2006.

RESENDE, M. D. V. de; BIELE, J. Estimação e predição em modelos lineares generalizados mistos com variáveis binomiais. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 20, p. 39-65, 2002.

RESENDE, M. D. V. de; DIAS, L. A. S. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 22, n. 1, p. 44-52, 2000.

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

RESENDE, M. D. V. de; DUDA, L. L. ; GUIMARÃES, P. R. B.; FERNANDES, J. S. C. Análise de modelos lineares mistos via inferência *Bayesiana*. **Revista de Matemática e Estatística**. São Paulo, v. 19, p. 41-70, 2001a.

RESENDE, M. D. V. de; FERNANDES, J. S. C. Análises alternativas envolvendo o procedimento BLUP e o delineamento experimental de blocos incompletos ou látice. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 18, p. 103-124, 2000.

RESENDE, M. D. V. de; FERNANDES, J. S. C. Procedimento BLUP individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 17, p. 89-107, 1999.

RESENDE, M. D. V. de; FERNANDES, J. S. C.; SIMEÃO, R. M. BLUP individual multivariado em presença de interação genótipo x ambiente para delineamentos experimentais repetidos em vários ambientes. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 17. p. 209-228, 1999.

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

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R.; LAVORANTI, O. J. Predição de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus* – melhor predição linear. In: CONGRESSO FLORESTAL PANAMERICANO, 1.; CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 7., 1993, Curitiba. **Floresta para o Desenvolvimento: Política, Ambiente, Tecnologia e Mercado: anais.** São Paulo: SBS; [S.l.]: SBEF, 1993. p. 144-147.

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R.; LAVORANTI, O. J. Regressão geno-fenotípica multivariada e maximização do progresso genético em programas de melhoramento de *Eucalyptus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 28/29, p. 57-71, 1994.

RESENDE, M. D. V. de; OLIVEIRA, E. B. de. Sistema "SELEGEN" – Seleção Genética Computadorizada para o melhoramento de espécies perenes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 32, n. 9, p. 931-939, 1997.

RESENDE, M. D. V. de; OLIVEIRA, E. B.; HIGA, A. R. Utilização de índices de seleção no melhoramento do *Eucalyptus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 21, p. 1-13, 1990.

RESENDE, M. D. V. de; OLIVEIRA, E. B. DE; MELINSKI, L. C.; GOULART, F. S.; OAIDA, G. R. **SELEGEN - Seleção Genética Computadorizada**: manual do usuário. Colombo: EMBRAPA-CNPQ, 1994. 31 p.

RESENDE, M. D. V. de; PEREZ, J. R. H. R. **Genética e melhoramento de ovinos**. Curitiba: Ed. da Universidade Federal do Paraná, 2001. 186 p.

RESENDE, M. D. V. de; PEREZ, J. R. H. R. **Genética quantitativa e estatística no melhoramento animal**. Curitiba: Universidade Federal do Paraná, Imprensa Universitária, 1999. 494 p.

RESENDE, M. D. V. de; PRATES, D. F.; JESUS, A.; YAMADA, C. K. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 32/33, p. 18-45, 1996.

RESENDE, M. D. V. de; RESENDE, R. M. S.; JANK, L.; VALLE, C. B. Experimentação e análise estatística no melhoramento de forrageiras. In: VALLE, C. B.; JANK, L.; RESENDE, R. M. S. **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte. 2007. p. 1-97.

RESENDE, M. D. V. de; REZENDE, G. D. S. P.; FERNANDES, J. S. C. Regressão aleatória e funções de covariância na análise de medidas repetidas. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 19, p. 21-40, 2001b.

RESENDE, M. D. V. de; ROSA-PEREZ, J. R. H. Melhoramento animal: predição de valores genéticos pelo modelo animal (BLUP) em bovinos de leite, bovinos de corte, ovinos e suínos. **Archives of Veterinary Science**, v. 4, n. 1, p. 17-30, 1999.

RESENDE, M. D. V. de; STRINGER, J. K.; CULLIS, B. C.; THOMPSON, R. Joint modelling of competition and spatial variability in forest field trials. **Brazilian Journal of Mathematics and Statistics**, v. 23, n. 2, p. 7-22, 2005.

RESENDE, M. D. V. de; STRINGER, J. K.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. Joint modelling of competition and spatial variability in forest field trials. In: IUFRO Conference on Eucalyptus, 2004, Aveiro. **Proceedings...** Aveiro: Ed. Raíz, 2004. v. 1, p. 330-332.

RESENDE, M. D. V. de; STURION, J. A. Análise estatística espacial de experimentos via modelos mistos individuais com erros modelados por processos ARIMA em duas dimensões. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 21, n. 1, p. 7-33, 2003.

RESENDE, M. D. V. de; 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. 80 p.

RESENDE, M. D. V. de; STURION, J. A.; MENDES, S. **Genética e melhoramento da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hill)**. Colombo: EMBRAPA-CNPQ, 1995. 33 p. (EMBRAPA-CNPQ. Documentos, 25).

RESENDE, M. D. V. de; THOMPSON, R. Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments. **Brazilian Journal of Mathematics and Statistics**, v. 22, n. 2, p. 31-52, 2004.

- RESENDE, M. D. V. de; THOMPSON, R. **Multivariate spatial statistical analysis of multiple experiments and longitudinal data**. Colombo: Embrapa Florestas, 2003. 126 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 90).
- RESENDE, M. D. V. de; THOMPSON, R.; WELHAM, S. J.; BAIERL, A. Multivariate spatial statistical analysis in perennial crops. In: INTERNATIONAL BIOMETRIC SOCIETY CONFERENCE – BRITISH REGION, Reading. **Proceedings...** Reading: University of Reading, School of Applied Statistics, 2003. p. 70-71.
- RESENDE, M. D. V. de; THOMPSON, R.; WELHAM, S. Multivariate spatial statistical analysis of longitudinal data in perennial crops. **Brazilian Journal of Mathematics and Statistics**, v. 24, n. 1, p. 147-169, 2006.
- RESENDE, M. D. V. de; VENCOVSKY, R.; FERNANDES, J. S. C. Selection and genetic gains in populations of Eucalyptus with an mixed mating system. In: CRCTHF-IUFRO CONFERENCE. EUCALYPT PLANTATIONS: IMPROVING FIBRE YIELD AND QUALITY, 1995, Hobart. **Proceedings...** Hobart: CRCTHF, 1995. p. 191-193.
- ROBINSON, D. L.; THOMPSON, R. **Estimation of variance components in non-orthogonal data by residual maximum likelihood**: REML user manual. Edinburgh: Scottish Agricultural Statistics Service, 1982. 33 p.
- SCHAEFFER, L. R. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 123, p. 218-223, 2006.
- TAKAHASHI, K.; FAGAN, J.; CHIN, M. S. Formation of a sparse bus impedance matrix and its application to short circuit study. In: INSTITUTIONAL PICA CONFERENCE, 8., 1973, Minneapolis. **Proceedings...** Minneapolis: IEEE Power Engineering Society, 1973. p. 63.
- THOMPSON, R. A note on restricted maximum likelihood estimation with an alternative outlier model. **Journal of the Royal Statistics Society, Series B**, v. 47, p. 53-55, 1985.
- THOMPSON, R. A review of genetic parameter estimation. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Proceedings**. Paris: INRA, 2002. p. 19-23.
- THOMPSON, R. Analysis of cereal variety trials. EU HARMA WORKSHOP, 7., 1996, Dublin. **Proceedings...** Dublin: [s.n.], 1996. p. 7-10. Editado por: Connolly, J.; Williams, D.
- THOMPSON, R. Estimation of genetic parameters. In: MRODE, R. A. (Ed.) **Linear models for the prediction of animal breeding values**. 2. ed. Wallingford: CAB International, 2005. p. 235-245.
- THOMPSON, R. Estimation of quantitative genetic parameters. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 1977, Ames. **Proceedings**. Ames: Iowa State University Press. p. 639-657. Editor: O. Kempthorne.
- THOMPSON, R. Iterative estimation of variance components for non-orthogonal data. **Biometrics**, v. 25, p. 767-773, 1969.
- THOMPSON, R. Maximum likelihood estimation of variance components. **Mathematik Operationsforsh Statistik**, v. 11, p. 545-561, 1980.
- THOMPSON, R. Relationship between the cumulative difference and best linear unbiased predictor methods of evaluating bulls. **Animal Production**, v. 23, p. 15-24, 1976.

- THOMPSON, R. Sire evaluation. **Biometrics**, v. 35, p. 339-353, 1979.
- THOMPSON, R. The estimation of heritability with unbalanced data. **Biometrics**, v. 33, p. 485-504, 1977.
- THOMPSON, R. The estimation of variance and covariance components when records are subject to culling. **Biometrics**, v. 29, p. 527-550, 1973.
- THOMPSON, R.; CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; GILMOUR, A. R. A sparse implementation of the average information algorithm for factor analytic and reduced rank variance models. **Australian and New Zealand Journal of Statistics**, v. 45, n. 4, p. 445-459, 2003.
- THOMPSON, R.; MEYER, K. A review of theoretical aspects in the estimation of breeding values for multi-trait selection. **Livestock Production Science**, v. 15, p. 299-313, 1986.
- THOMPSON, R.; WELHAM, S. J. REML analysis of mixed models. In: PAYNE, R. (Ed.). **GenStat 6 Release 6.1.: the guide to GenStat**, v. 2 – Statistics. Harpenden: Rothamsted Research, 2003. p. 469-560.
- THOMPSON, R.; BROTHERSTONE, S.; WHITE, M. S. Estimation of quantitative genetic parameters. **Philosophical Transaction of the Royal Society of Britain**, v. 360, p. 1469-1477, 2005.
- THOMPSON, R.; WRAY, N. R.; CRUMP, R. E. Calculation of prediction error variances using sparse matrix methods. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 111, p. 102-109, 1994.
- VENCOVSKY, R. Análise da variância de frequências alélicas. **Revista Brasileira de Genética**, v.15, n.3, supl., p. 53-60, 1992.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.) **Melhoramento e produção de milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987a. v. 1, p. 137-214.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.
- VENCOVSKY, R.; PEREIRA, M. B.; CRISOSTÓMO, J. R.; FERREIRA, M. A. J. F. Genética e melhoramento de populações mistas.. In: NASS, L. L.; VALOAS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Org.). **Recursos genéticos e melhoramento**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 231-281.
- VERNEQUE, R. S.; VALENTE, J. Avaliação genética de vacas e touros. In: VALENTE, J.; DURÃES, M.C.; MARTINEZ, M.L.; TEIXEIRA, N.M. (Ed.). **Melhoramento genético de bovinos de leite**. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2001. v. 1, p. 127-154.
- WHITE, T. L.; HODGE, G. **Predicting breeding values with application in forest tree improvement**. London: Kluwer, 1989. 367 p.
- ZOLLENKOPF, K. Bi-Factorisation - Basic computational algorithm and programming techniques. In: REID, J. K. (Ed.). **Large sparse sets of linear equations**. London: Academic Press, 1971. p. 75-96.

Embrapa

Florestas

**Ministério da
Agricultura, Pecuária
e Abastecimento**

