

UTILIZAÇÃO DO MELHOR PREDITOR LINEAR (BLP) PARA AS PREDIÇÕES DOS VALORES GENÉTICOS DOS PROGENITORES E DE SEUS HÍBRIDOS NUM DIALELO COMPLETO.

Ribeiro Júnior, JI¹; Ferreira, FM¹; Pacheco, CAP²; Carneiro, PCS³

¹Departamento de Informática, UFV, Viçosa-MG, ²EMBRAPA/CNPMS, Sete Lagoas-MG, ³Departamento de Biologia Geral, Viçosa-MG.

fabio medeiros ferreira@yahoo.com.br

Palavras-chave: BLP, dialelo, valor genético.

Com o objetivo de adaptar e avaliar a metodologia do melhor preditor linear (BLP) para as predições dos valores genéticos em um estudo de dialelo completo, foram analisados dados quanto ao número de frutos por planta envolvendo seis progenitores de pimentão e seus 15 híbridos, num total de 21 tratamentos. O BLP é uma metodologia que consiste na predição de um vetor de valores genéticos aleatórios não observáveis $g = [g_1, g_2, \dots, g_n]$, baseada no vetor aleatório observável $y = [y_1, y_2, \dots, y_n]$ de $n = 21$ médias de tratamentos, cujos vetores g e y são distribuídos conjuntamente. Sendo assim, o

BLP de g ($\hat{g}$), numa análise univariada, pode ser obtido pela expressão $\hat{g} = A^{-1}K' y$, onde K é a estimativa do erro da variância residual e A é a matriz de parentesco. A matriz A de tamanho 21×21 foi obtida com base nos valores esperados dos componentes aditivos de cada cruzamento entre dois tratamentos envolvidos, uma vez que a inversa da matriz de parentesco originalmente proposta não existe, em função do determinante da matriz A ser nulo. O vetor y (21×1) foi composto de duas maneiras: com y_a formado pelos valores observados dos progenitores e de seus híbridos obtidos no dialelo completo e y_b formado pelos valores observados dos progenitores e de seus híbridos estimados com base na média dos progenitores. Portanto, foram obtidos os vetores g_a e g_b , que comparados ao vetor g (21×21) do dialelo, composto pelo g_i , quando relacionado ao progenitor, e

por $\frac{g_i - g_j}{2} = s_{ij}$, quando relacionado ao híbrido, foram obtidos os coeficientes de correlação

iguais a 0,90 e 0,88, respectivamente. Baseado nestes resultados pode-se concluir que o BLP utilizado para predição dos valores genéticos dos tratamentos parece ser viável, principalmente, quando o efeito da heterose for relativamente baixo. Como vantagem, a eliminação de todos os cruzamentos não trouxe prejuízos às predições. Se o efeito da heterose for alto para manifestação da característica no híbrido, poderia existir um prejuízo nas predições, em função da matriz A não incorporar a mesma para a estimação dos resultados.

Apoio financeiro: CNPq.