

Dia 1: Prática

---



# MODELOS MISTOS APLICADOS AO MELHORAMENTO DE PLANTAS

---

M.Sc. Renan Garcia Malikouski

M.Sc. Filipe Manoel Ferreira



# ROTEIRO: DIA 1 - PRÁTICA

---



01

Softwares que  
ajustam  
modelos  
mistos



02

O Selegen  
REML/BLUP



03

Manual do  
Selegen  
REML/BLUP



04

Ajustando  
modelos

# FERRAMENTAS PARA O USO DE MODELOS MISTOS

---

Diversos programas são utilizados e estão disponíveis:

- i) Selegen;
- ii) ASREML;
- iii) R (Pacotes lme4, sommer, etc..);
- iv) Echdina;
- v) Rbio;
- vi) Genes;

...

# O SOFTWARE SELEGEN REML/BLUP

[Início](#) > Marcos Deon Vilela de Resende

## Marcos Deon Vilela de Resende



### Seja bem vindo ao site pessoal do Dr. Marcos Deon Vilela de Resende

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro Nacional de Pesquisa de Florestas.  
Estrada da Ribeira, Km 111  
Guaraituba  
83411000 – Colombo, PR – Brasil – Caixa-postal: 319  
Telefone: (31) 3899-1214  
**Curriculo Lattes**

### Apresentação

Pesquisador da Embrapa (Embrapa Florestas desde 1990 e Embrapa Gado de Corte, 2005-2007) e Professor na Universidade Federal de Viçosa (UFV, 2007-atual). Orienta e co-orienta estudantes de doutorado nas áreas de Estatística, Genética e Melhoramento. Na UFV atua nos programas de pós-graduação em Estatística Aplicada e Biometria, Genética e Melhoramento, Fitotecnica, Zootecnia e Ciência Florestal. Tem experiência na área de Genética Quantitativa, Modelos Lineares Mistos e Generalizados, Inferência Bayesiana, Predição Genômica.

### Materiais Disponíveis na WEB

[Software Selegen RemlBlup](#)

[Software Selegen Genômica](#)

[Livro – Métodos Estatísticos de Seleção Genômica Ampla](#)

[Livro – Estatística Matemática, Biométrica e Computacional](#)

[Livro – Genética Quantitativa e de Populações](#)

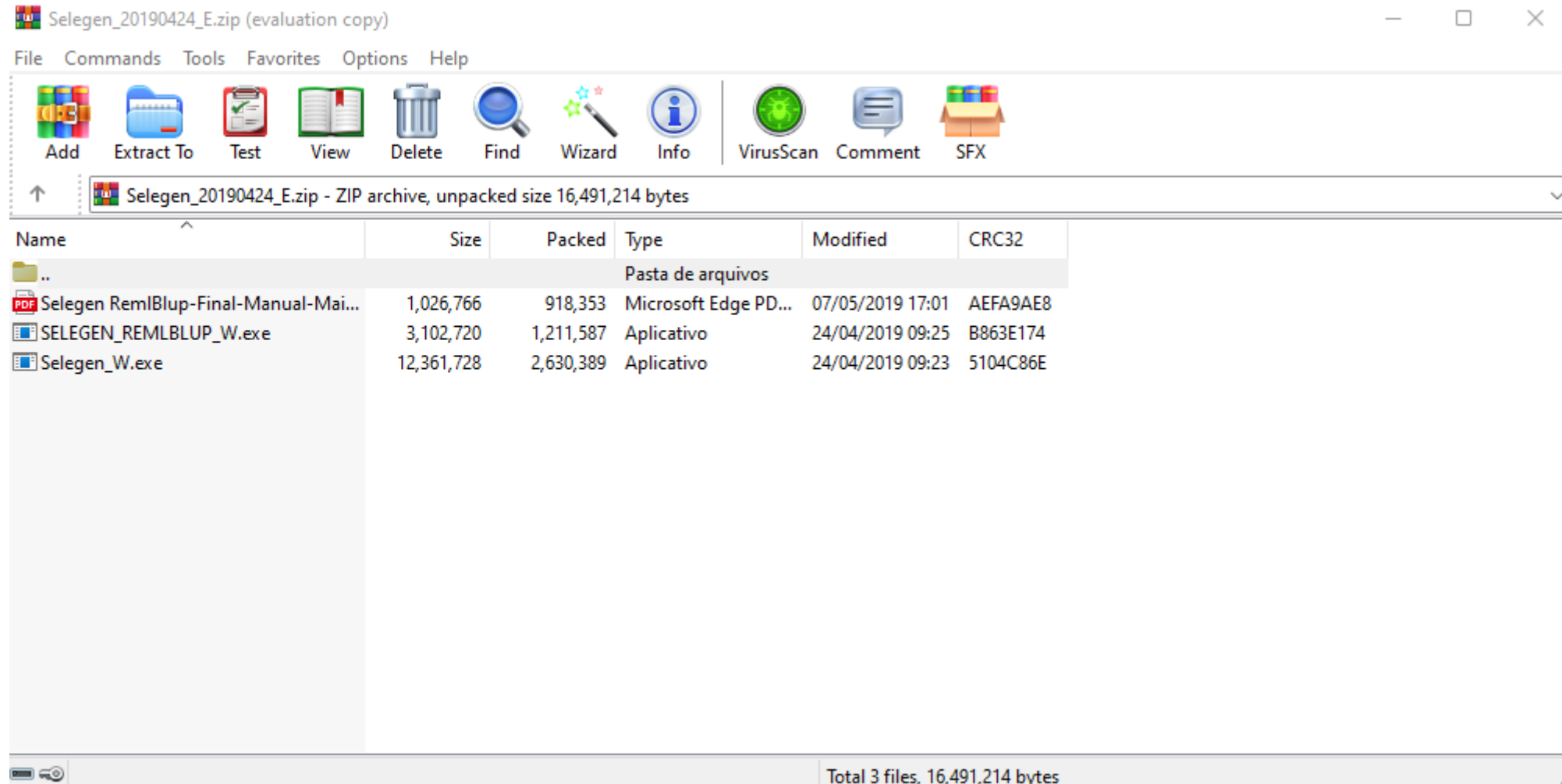
[Livro – Modelos Hierárquicos Generalizados Lineares Mistos \(HGLMM\), Máxima Verossimilhança Hierárquica \(HIML\) e HG-BLUP](#)



BUSCA NO SITE

OK

# O SOFTWARE SELEGEN REML/BLUP



# O SOFTWARE SELEGEN REML/BLUP

## *Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada*

SELEGEN-REML/BLUP Início : 1993 Versão Atual : Dezembro 2020 - 28 ANOS - 200 Modelos

Sair



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

SELEGEN-REML/BLUP Início : 1993 Versão Atual : Dezembro 2020 - 28 ANOS | 200 Modelos

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

Informações : Marcos Deon Vilela de Resende  
Universidade Federal de Viçosa Viçosa - MG  
marcos.deon@gmail.com  
marcos.deon@ufv.br

Citação: Resende, M.D.V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding.  
Crop Breeding and Applied Biotechnology 16: 330-339, 2016.

Copyright : INPI No. 00052763

Instituto Nacional da Propriedade Industrial



Universidade Federal de Viçosa  
Departamento de Estatística  
Pós-graduação: Estatística e Biometria



### Procedimentos Matemáticos / Estatísticos / Genéticos

Modelos Mistos : Delineamentos Experimentais / Materiais Genéticos / Ambientes

Repetibilidade e Dados Longitudinais

Dialélicos - Genitores não Aparentados

Produtividade, Estabilidade e Adaptabilidade

Análise Multivariada : Divergência Genética e Agrupamento

Otimização da Seleção ( Endogamia e Ne )

Melhoramento Animal

Famílias F3 ou S1

Clones Aparentados / Matriz A Completa

Interação com Locais e Anos

Análise de Variância / REML

Autocorrelação Espacial

Dados Categóricos

Convergência

☐ Deviance

☒ Herdabilidades

Modelos Mistos com Covariável

Fatoriais Interpopulacionais

Dialélicos - Genitores Aparentados

Índice de Seleção

Modelos Mistos - Tratamentos de Efeitos Fixos

Correlações Genéticas

Genética de Populações

Sistema Reprodutivo Misto

Várias Populações ou Procedências

Modelos Genéticos

Espécies Perenes Autógamas: Café Árábica, Pêssego, Anuais

Interação Planta x Patógeno

Estatística Geral

Fator de aceleração da convergência

0.0

# O SOFTWARE SELEGEN REML/BLUP

---

- Possui mais de 200 modelos;
- Considera sistema de reprodução (alógamas, autógamias, misto)
- Considera interação GxA, GxM, e GxAxM;
- Estima componentes de variância e prediz valores genéticos;
- Interface amigável;
- Algoritmo EM (modificação para resolução de matrizes esparsas - Takahashi e de Zollenkoff) - SB-EMREML;
- Desenvolvido em Fortran 90
- BLUP univariado;
- Montagem do arquivo de dados é baseada em um manual.

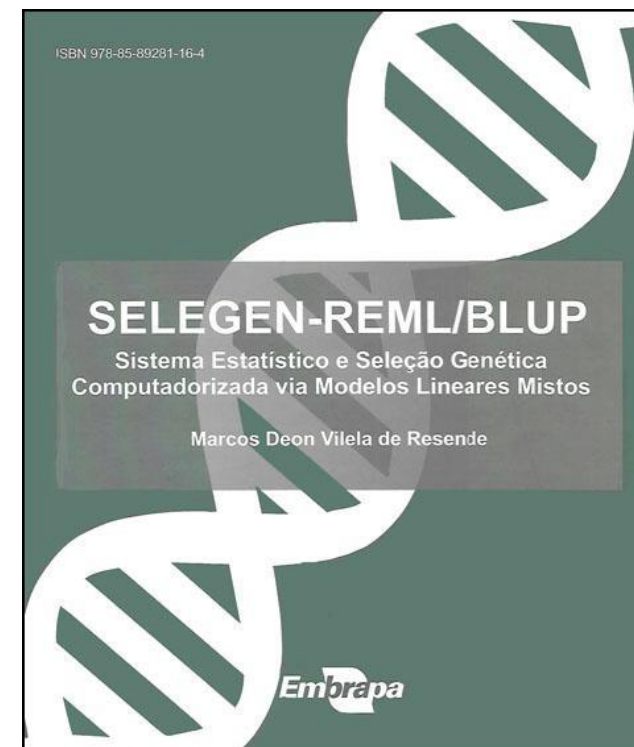
...

# O MANUAL COMPLETO

---

## O Software Selegen-Reml/Blup

**Marcos Deon Vilela de Resende**







## ARTICLE

---

### Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding







Marcos Deon Vilela de Resende<sup>1\*</sup>

**Abstract:** *The software Selegen-REML/BLUP uses mixed models, and was developed to optimize the routine of plant breeding programs. It addresses the following plants categories: allogamous, automagous, of mixed mating system, and of clonal propagation. It considers several experimental designs, mating designs, genotype x environment interaction, experiments repeated over sites, repeated measures, progenies belonging to several populations, among other factors. The software adjusts effects, estimates variance components, genetic additive, dominance and genotypic values of individuals, genetic gain with selection, effective population size, and other parameters of interest to plant breeding. It allows testing the significance of the effects by means of likelihood ratio test (LRT) and analysis of deviance. It addresses continuous variables (linear models) and categorical variables (generalized linear models). Selegen-REML/BLUP is friendly, easy to use and interpret, and allows dealing efficiently with most of the situations in plant breeding. It is free and available at [http://www.det.ufv.br/ppestbio/corpo\\_docente.php](http://www.det.ufv.br/ppestbio/corpo_docente.php) under the author's name.*

**Key words:** *Linear mixed models, prediction, variance components, BLUP, REML, selection.*

Crop Breeding and Applied Biotechnology  
16: 330 -339, 2016  
Brazilian Society of Plant Breeding.  
Printed in Brazil  
<http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>

# SAÍDAS DO SOFTWARE SELEGEN REML/BLUP

 Modelo54.txt	04/05/2021 12:50	Documento de Te...	20 KB
 Modelo54_V01.Dev	06/05/2021 14:03	Arquivo DEV	16 KB
 Modelo54_V01.Efe	06/05/2021 14:03	Arquivo EFE	5 KB
 Modelo54_V01.Fam	06/05/2021 14:03	Arquivo FAM	2 KB
 Modelo54_V01.Het	06/05/2021 14:03	Arquivo HET	1 KB
 Modelo54_V01.Res	06/05/2021 14:03	Arquivo RES	16 KB

-Est. Geral;  
-Diversidade;  
-Índice sel.

*Mod\_V0x.res*: apresenta os componentes de variância, valores genéticos preditos, ganho genético com seleção e tamanho efetivo populacional.

*Mod\_V0x.fam*: apresenta os valores genéticos preditos e seus intervalos de confiança.

*Mod\_V0x.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.

*Mod\_V0x.efe*: apresenta todos os efeitos ajustados pelo modelo em questão.

*Mod\_V0x.het*: apresenta a variância residual dentro de cada tratamento e a herdabilidade individual válida para cada tratamento.

# ESTATÍSTICA GERAL

---

## Modelo 105

Dados: Modelo\_105.txt

Número de variáveis: 4

Iniciar a partir da coluna: 7

Média, variância, desvio, CV, mínimo, máximo, assimetria, curtose, matrizes de covariâncias e de correlações.

Identificar *outliers*

Estudar o comportamento dos dados

Resumir informações

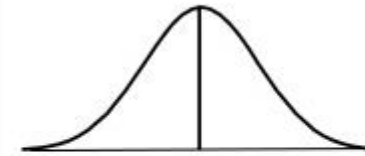
Avaliar a qualidade

# ESTATÍSTICA GERAL

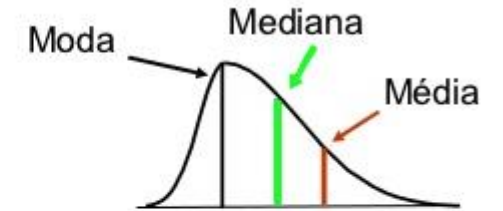
- Necessita apenas das variáveis;
- Apenas número de variáveis e em qual coluna se encontra a primeira variável;
- Normalidade ☒ Assimetria e curtose;
- Para inferência ☒ utilização dos resíduos (.dev);
- Matrizes de covariância, Correlação, interação, especificidade média, comunalidade, variância interação/covariância;

Variável	1	2	N
1	Relação entre os pares de variáveis		
2			
n			

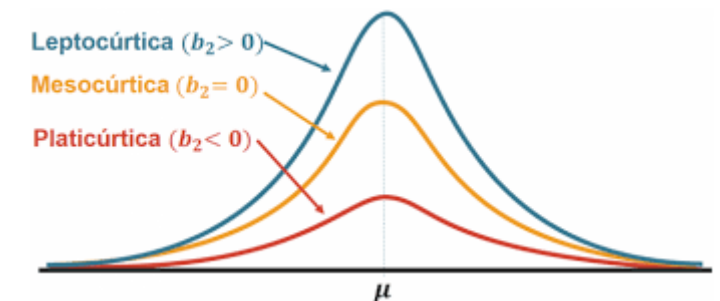
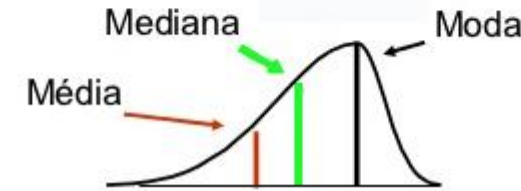
**Distribuição Simétrica**  
Média = Mediana = Moda



**Assimetria à direita ou positiva**



**Assimetria à esquerda ou negativa**





Obrigado pela atenção.

***ATÉ AMANHÃ***



filipe.manoel@ufv.com



renan.malikouski@ufv.br