

O Software Selegen-Reml/Blup

Marcos Deon Vilela de Resende

**Documentos
EMBRAPA
Campo Grande - 2006**

Copyright N. 00052763 – Instituto Nacional de Propriedade Intelectual

O Software Selegen-Reml/Blup

Marcos Deon Vilela de Resende

Sumário

1. Histórico do Selegen-Reml/Blup

2. Algoritmo Matemático e Computacional

3. Procedimentos Estatísticos, Matemáticos e Genéticos

3.1 Descrição Geral dos Procedimentos

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

4. Avaliação de Genótipos (Acessos, Cultivares, Clones, Híbridos, Linhagens e Famílias) em Várias Repetições - Uma Observação por Parcela

4.1 Avaliação em um só local e em uma só colheita

4.1.1 Blocos Completos (Modelos 20, 21 e 96)

4.1.2 Blocos Incompletos (Modelos 16 e 17)

4.1.3 Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 119)

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

4.1.5 Delineamento Inteiramente ao Acaso (DIC): Modelo 83

4.1.6 Delineamento Linha-Coluna: Modelo 58

4.1.7 Ausência de Delineamento experimental: Modelo 58

4.1.8 Avaliação em um só local e safra - grupos de experimentos: modelos 16 ou 17

4.2 Avaliação em vários locais e em uma só colheita

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

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

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

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

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

4.2.6 Avaliação em vários locais e em uma só safra - grupos de experimentos: modelos 11 ou 16 e 52.

4.3 Avaliação em um só local e em várias colheitas

- 4.3.1 Modelo Básico de Repetibilidade sem Delineamento (Modelo 63)
- 4.3.2 Delineamento em Blocos Completos (Modelos 28 e 29)
- 4.3.3 Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice (Modelo 70)
- 4.3.4 Delineamento em Blocos Aumentados com Testemunha de Efeito Aleatório (Modelo 70)
- 4.3.5 Delineamento em Blocos Aumentados com Testemunha de Efeito Fixo (Modelo 68)
- 4.3.6 Delineamento em Blocos Completos com Estabilidade e Adaptabilidade Temporal (Método MHPRVG) – Estrutura CS: Modelo 55.
- 4.3.7 Delineamento em Blocos Incompletos com Estabilidade e Adaptabilidade Temporal (Método MHPRVG) - Modelo 78.

4.4 Avaliação em vários locais e em várias colheitas (culturas perenes)

- 4.4.1 Delineamento em Blocos Completos, Vários Locais e Várias Colheitas (Modelo 69)
- 4.4.2 Delineamento em Blocos Incompletos, Vários Locais e Várias Colheitas (Modelo 71)
- 4.4.3 Delineamento em Blocos Completos com Estabilidade e Adaptabilidade – Método MHPRVG: Modelo 151.
- 4.4.4 Delineamento em Blocos Incompletos com Estabilidade e Adaptabilidade – Método MHPRVG: Modelo 152.
- 4.4.5 Delineamento em Blocos Aumentados com Testemunhas de Efeito Aleatório - Estabilidade e Adaptabilidade pelo Método MHPRVG: Modelo 152.
- 4.4.6 Delineamento em Blocos Aumentados com Testemunhas de Efeito Fixo - Estabilidade e Adaptabilidade pelo Método MHPRVG: Modelo 153.
- 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)

4.5 Avaliação em vários locais e em várias anos (culturas anuais)

- 4.5.1 Delineamento em Blocos Completos com Interação Tripla e Estabilidade e Adaptabilidade – Método MHPRVG: Modelo 114.
- 4.5.2 Delineamento em Blocos Completos sem Interação Tripla e Estabilidade e Adaptabilidade – Método MHPRVG: Modelo 115.

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

- 5.1.1 Blocos Completos (Modelos 2, 18 e 94)
- 5.1.2. Blocos Incompletos (Modelo 7)
- 5.1.3. Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 127)
- 5.1.4 Delineamento Inteiramente ao Acaso (DIC): Modelo 81
- 5.1.5 Delineamento Linha-Coluna: Modelo 57

5.2 Avaliação em vários locais e em uma safra

- 5.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelo 3)
- 5.2.2. Blocos Incompletos em Vários Locais (Modelo 12)
- 5.2.3 Blocos Completos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 128)
- 5.2.4 Blocos Incompletos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 129)
- 5.2.5 Delineamento em Blocos Completos em Vários Locais e Várias Observações por Parcela – Método MHPRVG: Modelos 51.
- 5.2.6 Delineamento em Blocos Incompletos em Vários Locais e Várias Observações por Parcela – Método MHPRVG: Modelos 53.

5.3 Avaliação em um local e em várias colheitas ou safras

- 5.3.1 Delineamento em Blocos Completos (Modelo 9 e 27)
- 5.3.2 Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice (Modelo 66)
- 5.3.3 Delineamento em Blocos Completos com Estabilidade e Adaptabilidade Temporal – Método MHPRVG: Modelo 79.
- 5.3.4 Delineamento em Blocos Completos: Medidas Repetidas via Modelo Fatorial Completo ou Estrutura de Simetria Composta (Modelo 116)

5.4 Avaliação em vários locais e em várias colheitas ou safras

- 5.4.1 Delineamento em Blocos Completos, Vários Locais e Várias Safras (Modelo 64)
- 5.4.2 Delineamento em Blocos Incompletos, Vários Locais e Várias Safras (Modelo 72)
- 5.4.3 Delineamento em Blocos Incompletos, Vários Locais e Várias Safras, com Covariável (Modelo 130)

6. Avaliação de Indivíduos em Progenies 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

- 6.1.1 Blocos Completos (Modelos 19 e 95)
- 6.1.2 Blocos Incompletos (Modelo 15)
- 6.1.3 Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 135)
- 6.1.4 Blocos Incompletos, Análise com Covariável (Modelo 137)
- 6.1.5 Delineamento Inteiramente ao Acaso (DIC): (Modelo 82)

6.2 Avaliação em vários locais e em uma só colheita ou safra

- 6.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelo 22)
- 6.2.2 Blocos Incompletos em Vários Locais (Modelo 10)
- 6.2.3 Blocos Completos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 136)
- 6.2.4 Blocos Incompletos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 138)

7. Avaliação de Indivíduos em Progenies de Meios Irmãos (ou Polinização Aberta em Espécies Alógamas) – Várias Observações por Parcela

7.1 Avaliação em um local e em uma colheita

- 7.1.1 Blocos Completos (Modelos 1 e 93)
- 7.1.2. Blocos Incompletos (Modelo 6)
- 7.1.3. Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 131)
- 7.1.4. Blocos Incompletos, Análise com Covariável (Modelo 133)
- 7.1.5 Delineamento Inteiramente ao Acaso (DIC): Modelo 80
- 7.1.6 Delineamento Linha-Coluna: Modelo 56
- 7.1.7 Delineamento de “Parejas” Dentro de Bloco: Modelo 158
- 7.1.8 Delineamento de “Parejas” Dentro de Bloco, com Desbaste: Modelo 159

7.2 Avaliação em vários locais e em uma colheita

- 7.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelo 4)
- 7.2.2. Blocos Incompletos em Vários Locais (Modelo 13)
- 7.2.3 Blocos Completos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 132)
- 7.2.4. Blocos Incompletos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 134)

7.3 Avaliação em um local e em várias colheitas

- 7.3.1 Delineamento em Blocos Completos com Resultado por Indivíduo (Modelo 8)
- 7.3.2 Delineamento em Blocos Completos com Resultado por Indivíduo e Colheita, com Estabilidade e Adaptabilidade Temporal pelo Método MHPRVG (Modelo 62)
- 7.3.3 Delineamento em Blocos Incompletos ou Látice (Modelo 67)

7.4 Avaliação em vários locais e em várias colheitas

- 7.4.1 Delineamento em Blocos Completos, Vários Locais e Várias Colheitas (Modelo 65)
- 7.4.2 Delineamento em Blocos Incompletos, Vários Locais e Várias Colheitas (Modelo 73)

7.5 Avaliação em várias populações

- 7.5.1 Blocos Completos, Várias Populações, Progênies de Meios Irmãos em um Local (Modelo 5)
- 7.5.2 Blocos Completos, Várias Populações, Progênies de Meios Irmãos em Vários Locais: Modelo 14
- 7.5.3 Blocos Completos, Várias Populações, sem Estrutura de Progênies, em um Local: Modelo 24.
- 7.5.4 Delineamento em Blocos Completos, Várias Populações e Várias Safras (Modelo 154)

8. Avaliação de Indivíduos em Progênies F3 de Plantas Autógamas ou S1 de Plantas Alógamas) – Várias Observações por Parcela

- 8.1 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Linhagens Derivadas de um só Cruzamento ou População F2: Modelo 59
- 8.2 Avaliação em um Local sem Delineamento Experimental (ou em Blocos Aumentados), Linhagens Derivadas de um só Cruzamento ou População F2: Modelo 60
- 8.3 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Linhagens Derivadas de Vários Cruzamentos ou Populações F2: Modelo 61

9. Avaliação de Indivíduos em Progenies de Irmãos Germanos de Plantas Alógamas – Várias Observações por Parcela

- 9.1 Um Local e uma Safra, Blocos Completos (Modelo 147)
- 9.2 Vários Locais e uma Safra, Blocos Completos (Modelo 148)
- 9.3 Um Local e uma Safra, Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 145)
- 9.4 Vários Locais e uma Safra, Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 146)

10. Avaliação de Indivíduos em Progenies S1 de Populações com Sistema Reprodutivo Misto

- 10.1 Avaliação de Progenies S1 em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progenies de uma só População, Várias Plantas por Parcela: Modelo 107
- 10.2 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progenies de uma só População, Uma Planta por Parcela: Modelo 108
- 10.3 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progenies de Várias Populações, Várias Plantas por Parcela: Modelo 109

11. Avaliação de Indivíduos em Progenies de Polinização Aberta de Plantas com Sistema Reprodutivo Misto

- 11.1 Avaliação de Indivíduos em Progenies de Polinização Aberta em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progenies de uma só População, Várias Plantas por Parcela: Modelo 110
- 11.2 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progenies de uma só População, Uma Planta por Parcela: Modelo 111
- 11.3 Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progenies de Várias Populações, Várias Plantas por Parcela: Modelo 112

12. Avaliação de Indivíduos em Progenies de Irmãos Germanos obtidas sob Cruzamentos Fatoriais ou Dialélicos Interpopulacionais

12.1 Avaliação em um local e em uma safra

- 12.1.1 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Espécies Alógamas (Modelo 87)
- 12.1.2 Blocos Completos com Várias Plantas por Parcela, Espécies Alógamas (Modelo 88)
- 12.1.3 Blocos Incompletos com Uma Planta por Parcela, Espécies Alógamas (Modelo 90)
- 12.1.4 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Cruzamento entre Linhagens Completamente Endogâmicas (Modelo 98)
- 12.1.5 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Espécies Alógamas, Análise com Covariável (Modelo 140)
- 12.1.6 Blocos Completos com Várias Plantas por Parcela, Espécies Alógamas, Análise com Covariável (Modelo 139)

12.2 Avaliação em vários locais e em uma safra

- 12.2.1 Blocos Completos com Várias Plantas por Parcela, Espécies Alógamas, Vários Locais (Modelo 89)
- 12.2.2 Blocos Incompletos com Uma Planta por Parcela, Espécies Alógamas, Vários Locais (Modelo 91)

12.3 Avaliação em um local e várias safras

- 12.3.1 Blocos Completos com Várias Plantas por Parcela, Espécies Alógamas, Um Local, Medidas Repetidas (Modelo 100)

13. Avaliação de Clones Aparentados em Várias Repetições - Uma Observação por Parcela

13.1 Avaliação em um só local e em uma só colheita

- 13.1.1 Blocos Completos (Modelo 30)
- 13.1.2. Blocos Incompletos (Modelo 48)
- 13.1.3. Blocos Incompletos, Análise com Covariável (Modelo 143)

13.2. Avaliação em vários locais e em uma só colheita

- 13.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelo 31)
- 13.2.2 Blocos Incompletos em Vários Locais (Modelo 32)
- 13.2.3 Blocos Incompletos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 144)

13.3. Avaliação em um só local e em várias colheitas

- 13.3.1 Blocos Incompletos em Várias Colheitas (Modelo 92)

14. Avaliação de Clones Aparentados em Várias Repetições - Várias Observações por Parcela

14.1 Avaliação em um só local e em uma só colheita ou safra

- 14.1.1 Blocos Completos (Modelo 47)
- 14.1.2. Blocos Incompletos (Modelo 49)
- 14.1.3. Blocos Completos, Análise com Covariável (Modelo 141)

14.2 Avaliação em vários locais e em uma só colheita ou safra

- 14.2.1 Blocos Completos em Vários Locais (Modelo 50)
- 14.2.2 Blocos Completos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 142)

15. Avaliação de Indivíduos em Progenies de Irmãos Germanos obtidas sob Cruzamentos Fatoriais ou Dialélicos Intrapopulacionais – Uma Planta por Parcela

15.1 Avaliação em um local e em uma safra

- 15.1.1 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 36)
- 15.1.2. Blocos Incompletos e Uma Planta por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 35)
- 15.1.3 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Genitores Aparentados (Modelo 43)
- 15.1.4. Blocos Incompletos e Uma Planta por Parcela, Genitores Aparentados (Modelo 42)

15.2 Avaliação em vários locais e em uma colheita ou safra

- 15.2.1 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores não Aparentados (Modelo 34)
- 15.2.2 Blocos Incompletos e Uma Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores não Aparentados (Modelo 39)
- 15.2.3 Blocos Completos e Uma Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores Aparentados (Modelo 41)
- 15.2.4 Blocos Incompletos e Uma Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores Aparentados (Modelo 46)

16. Avaliação de Indivíduos em Progenies de Irmãos Germanos obtidas sob Cruzamentos Fatoriais ou Dialélicos Intrapopulacionais – Várias Plantas por Parcela

16.1 Avaliação em um local e em uma safra

- 16.1.1 Blocos Completos, Várias Plantas por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 33)
- 16.1.2. Blocos Incompletos, Várias Plantas por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 38)
- 16.1.3 Blocos Completos e Várias Plantas por Parcela, Genitores Aparentados (Modelo 40)
- 16.1.4 Blocos Incompletos e Várias Plantas por Parcela, Genitores Aparentados (Modelo 45)

16.2 Avaliação em vários locais e em uma safra

- 16.2.1 Blocos Completos, Várias Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores não Aparentados (Modelo 37)
- 16.2.2 Blocos Completos, Várias Planta por Parcela, Vários Locais, Genitores Aparentados (Modelo 44)

17. Otimização da Seleção em Função da Endogamia e do Ne (Modelo 106)

18. Melhoramento Animal

- 18.1 Modelo Animal Reduzido para Reprodutores e seus Descendentes (Modelo 84)
- 18.2 Modelo Animal Reduzido de Repetibilidade para Reprodutores e seus Descendentes (Modelo 85)
- 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)

19. Avaliação de Indivíduos e Genitores via Testes de Progenies de Irmãos Germanos obtidas sob Cruzamentos Hierárquicos Intrapopulacionais – Uma Planta por Parcela

19.1 Blocos Completos, Uma Planta por Parcela, Genitores não Aparentados (Modelo 86)

20. Modelos Estatísticos Genéricos

20.1 Modelo com 2 Fatores de Efeitos Fixos e 1 fator de Efeitos Aleatórios (Modelo 120)

20.2 Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 1 Fator de Efeitos Aleatórios além dos Resíduos (Modelo 121)

20.3 Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 2 Fatores de Efeitos Aleatórios além dos Resíduos (Modelo 122)

20.4 Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 3 Fatores de Efeitos Aleatórios além dos Resíduos (Modelo 123)

20.5 Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 4 Fatores de Efeitos Aleatórios além dos Resíduos (Modelo 124)

20.6 Modelo com 1 Fator de Efeitos Fixos e 5 Fatores de Efeitos Aleatórios além dos Resíduos (Modelo 125)

21. Modelos Estatísticos com Tratamentos de Efeitos Fixos: DBC, DIC, Parcelas Subdivididas, Fatorial, Hierárquico

- 21.1 Delineamento de blocos ao acaso com várias observações por parcela: Modelo 97
- 21.2 Delineamento de blocos ao acaso com uma observação por parcela: Modelo 99
- 21.3 Delineamento inteiramente ao acaso com várias observações por parcela: Modelo 156
- 21.4 Delineamento de inteiramente ao acaso com uma observação por parcela: Modelo 157
- 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
- 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
- 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
- 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
- 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
- 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
- 21.11 Delineamento de blocos ao acaso, arranjo em parcelas subdivididas, teste de procedências e progênies, um local: Modelo 6
- 21.12 Delineamento de blocos ao acaso, arranjo em parcelas subdivididas, teste de procedências e progênies, vários locais: Modelo 13

22. Genética de Populações

- 22.1 Várias Populações: Modelo 117
- 22.2 Uma População: Modelo 118

23. Autocorrelação Espacial e Análise de Resíduos

24. Seleção pela Distribuição do Máximo e com Base no Conceito de Média Harmônica

25. Análise Espacial

26. Análise de Competição e Espacial

27. Estudo da Estrutura de Correlação entre Caracteres, Índice de Seleção e Análise Multivariada

27.1 Estatística Geral (Modelo 105)

27.2 Correlação entre Caracteres (Modelos 102 e 105)

27.3 Índice de Seleção Envolvendo os Vários Caracteres (Modelo 101)

27.4 Agrupamento de Genótipos com Base em Divergência Genotípica Multivariada e Eliminação de Variáveis Redundantes via Componentes Principais (Modelos 103 e 104)

28. BLUP com Parâmetros Fornecidos pelo Usuário

29. BLUP sob Heterogeneidade de Variância Residual entre Tratamentos

30. Análises Combinando Diferentes Delineamentos Experimentais

31. Análises Combinando Diferentes Tamanhos de Parcela

32. Análises Combinando Diferentes Tipos de Progenies

33. Análise Simultânea de Tratamentos Regulares e Testemunhas

34. Análise de Experimentos no Delineamento de Nelder

35. Análise de Experimentos com Parentesco Exato entre Indivíduos de uma Progenie

36. Referências Bibliográficas

Software Selegen-Reml/Blup

Marcos Deon Vilela de Resende

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, os métodos de seleção evoluíram seguindo aproximadamente a seguinte cronologia:

Seleção de famílias

Entre médias de família (Vencovsky, 1987)
BLP de famílias (White & Hodge, 1989; Bueno Filho, 1997)
BLP de famílias em vários locais (Resende et al., 1993)
REML/BLUP de famílias (Resende et al., 1996; Duarte, 2000)

Seleção de indivíduos

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

Em 1992 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 & 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 & 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 & 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 & 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 & Valente, 2001). Isto se deveu ao desenvolvimento de softwares específicos que permitem tratar adequadamente a matriz de parentesco genético aditivo entre 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 & 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 & 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 & 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 mais complexos. No entanto, o SAS apresenta limitação para lidar com matriz de parentesco e prever 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. Isto significa que, cada vez que um estudante ou pesquisador roda uma análise nesses softwares, ele está, de fato, pagando para que seja feita a análise.

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, Costa Rica, Índia, 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, 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 Capirona (*Calycophyllum spruceanum*), Bolaina (*Guazuma crinita*) e Guaba (*Inga edulis*) Amazônia Peruana pelo FAO/ICRAF.
- (d) Domesticação e Melhoramento de Germoplasma pela Rede Panamericana de Germoplasma Agroflorestal em vários países da América Latina.
- (e) Melhoramento de Acácia Negra, Eucalipto e Pinus na África do Sul pelo Institute for Commercial Forestry Research (ICFR).
- (f) Melhoramento de Eucalipto, Pinus e Prosopis na Tunísia pelo Ministério da Agricultura.
- (g) Melhoramento de Eucalipto e Pinus pela Mininco (empresa que cultiva mais de 500 mil hectares de florestas) no Chile.

No Brasil, além das aplicações do Selegen no melhoramento das espécies domesticadas e 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 2000 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 inestimáveis.

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 & 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 & 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 & Thompson, 1995; Meyer, 1997; Thompson et al., 2003; Meyer, 2006). Segundo Johnson & 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 usam 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 & 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 & 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 bifatorização esparsa de Zollenkoff (1973) no algoritmo EM. Portanto, o algoritmo é do tipo SB-EM (Sparse Bifactorisation / Expectation-Maximisation) e o software é do tipo SB-EMREML. Os métodos de Takahashi e de Zollenkoff foram desenvolvidos na área de Engenharia Elétrica, associados a matrizes de impedância em circuitos elétricos. 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 & Sturion (2001) e Resende & 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 simultanea 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 & Thompson, 1971). Exceto por uma constante, a função de verossimilhança residual (em termos de seus log) a ser maximizada é dada por:

$$L = -\frac{1}{2} (\log|X'V^{-1}X| + \log|V| + v \log \sigma_e^2 + y'Py/\sigma_e^2) \\ = -\frac{1}{2} (\log|C^*| + \log|R| + \log|G| + v \log \sigma_e^2 + y'Py/\sigma_e^2)$$

em que:

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

$v = N - r(x)$: 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.

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 150 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 deviance.

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.

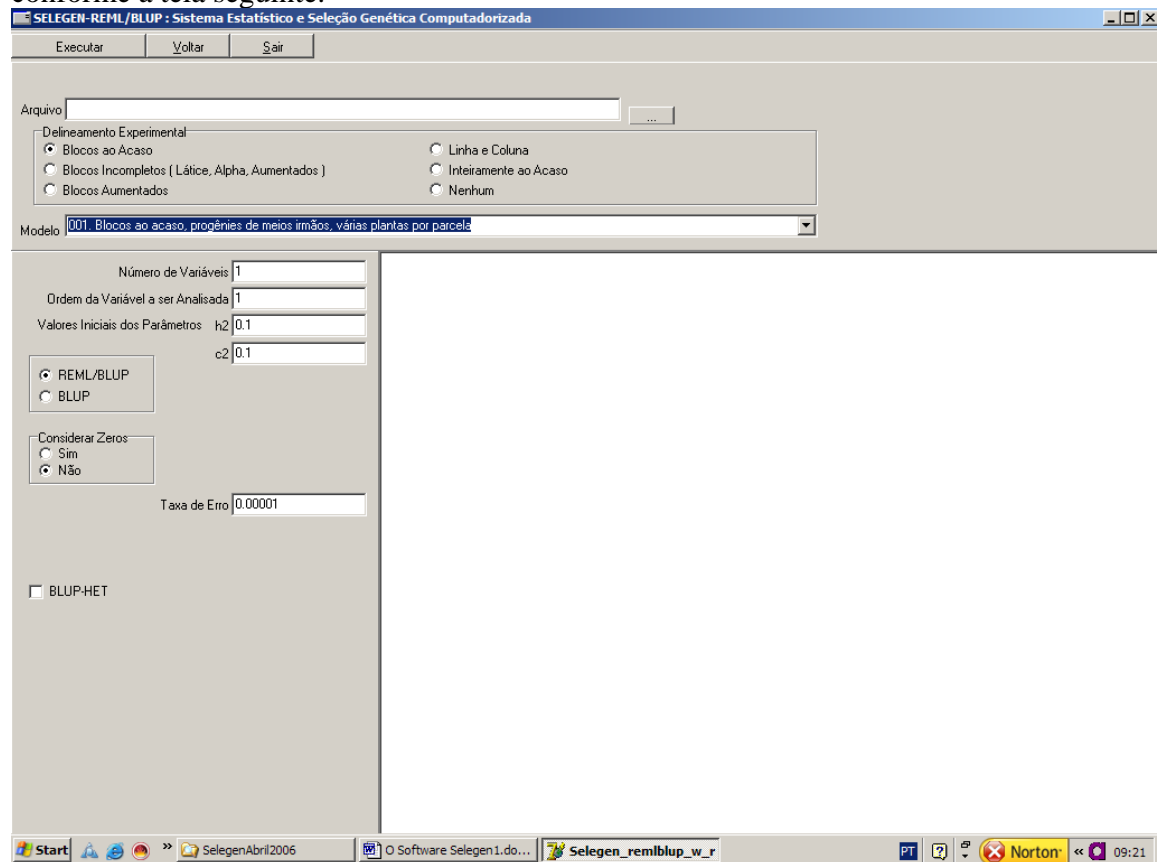
O Selegen-Reml/Blup foi delineado para maximizar a eficiência global do melhoramento e aborda de forma intrincada os tópicos mencionados acima, sobrepondo esquema de seleção recorrente, delineamento de cruzamento, delineamento experimental, controle estatístico via covariável, sistema de propagação do 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 & 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.



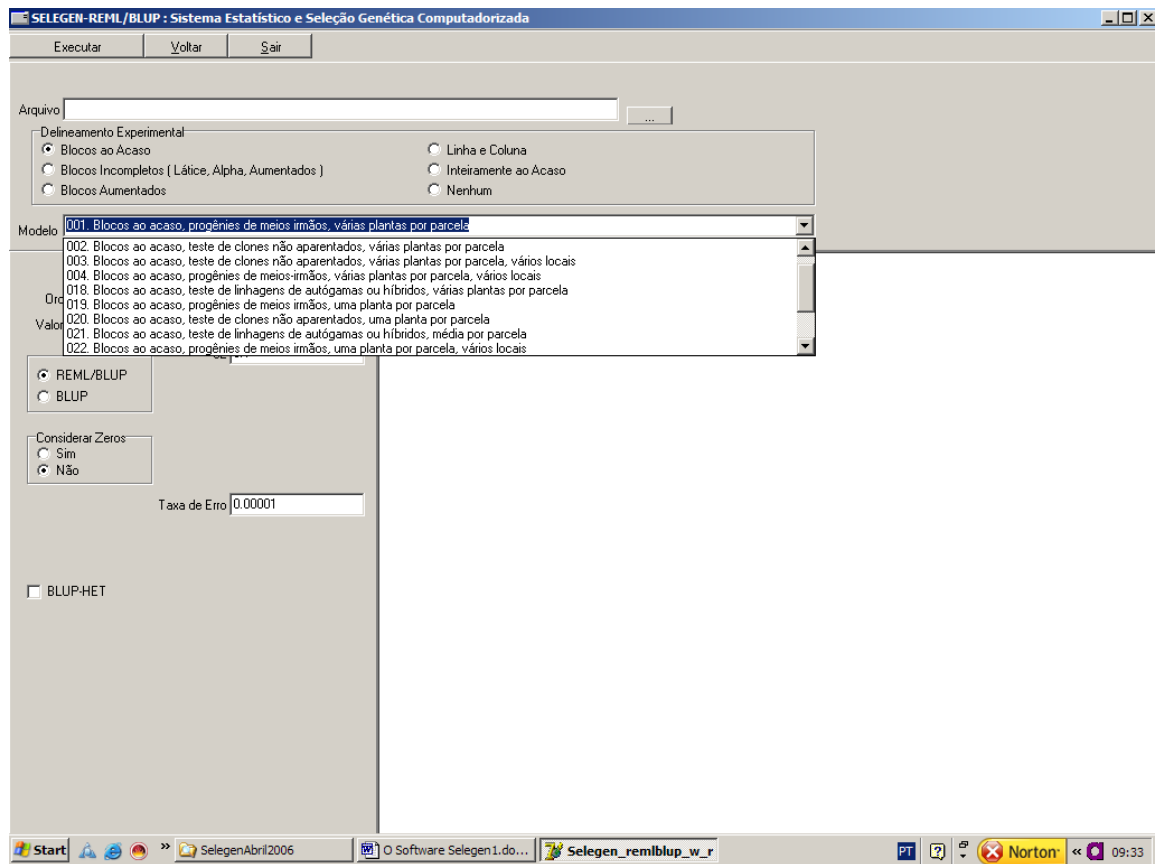
Nessa tela principal e também no cabeçalho dos resultados, a descrição SELEGEN REML/BLUP 1993 não indica o ano da versão do software. Apenas indica o ano (1993) em que o software foi criado ou iniciado. Escolhendo-se nessa tela a primeira janela “Modelos Mistos: Delineamentos Experimentais / Materiais Genéticos / Ambientes”,

várias opções de modelos aparecem, em termos de delineamentos experimentais, conforme a tela seguinte.

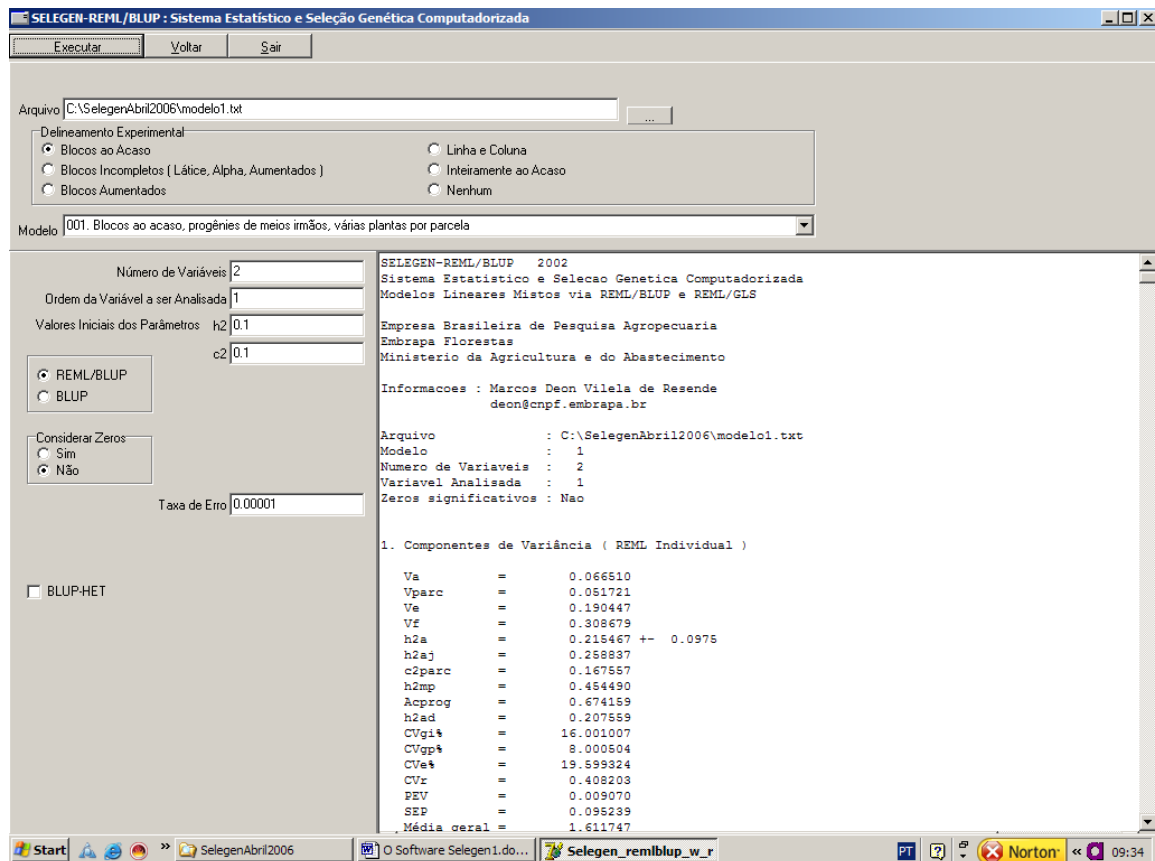


Nesta tela são apresentadas também várias opções em termos de análise (REML/BLUP ou só BLUP, BLUP com heterogeneidade de variâncias dentro de tratamentos), valores iniciais para a herdabilidade individual (h^2) e coeficientes de determinação de outros efeitos aleatórios (coeficientes c^2), opção para 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 e seus intervalos de confiança.

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.efe: 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.efe, 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
			Grupos de Experimentos	16, 17	4.1.8
		Vários Locais sem Medida Repetida	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
		Um Local e Várias Medidas Repetidas	Modelo Básico	63	4.3.1
			Blocos ao Acaso	28, 29	4.3.2
			Látice	70	4.3.3
			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 Completo, Modelo CS, Estab. e Adapt.	155	4.4.7
		Vários Locais e Anos (Culturas Anuais)	Blocos, Estab. e Adapt. Espacial, Interação Tripla	114	4.5.1
			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
			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 Progenies 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
		Vários Locais sem Medida	Blocos Completos	22	6.2.1
			Látice	10	6.2.2

		Repetida	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
		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
			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	Várias Plantas por Parcela	Um Local, Uma População	Blocos Completos	110	11.1
	Uma Planta por Parcela		Blocos Completos	111	11.2

Aberta em Plantas com Sistema Reprodutivo Misto	Várias Plantas por Parcela	Um Local, Várias Populações	Blocos Completos	112	11.3
---	----------------------------	-----------------------------	------------------	-----	------

Seleção de Indivíduos, Genitores e Cruzamentos em Progênies 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
			Blocos, Análise com Covariável	140	12.1.5
			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
		Um Local, Várias Medidas Repetidas	Blocos Incompletos	92	13.3.1
	Várias Plantas por Parcela	Um Local, sem Medidas Repetidas	Blocos Completo	47	14.1.1
			Látice	49	14.1.2
			Blocos, Análise com Covariável	141	14.1.3
		Vários Locais sem Medida Repetida	Blocos Completo	50	14.2.1
			Blocos, Análise com Covariável	142	14.2.2

Seleção de Indivíduos, Genitores e Cruzamentos em Progenies Obtidas sob Cruzamentos Fatoriais ou Dialélicos Intrapopulacio- nais	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
		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 Progênes 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 Progênes 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
	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
	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
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	Opcional mente em todos os modelos	28
BLUP sob Heterogeneidade de Variância Residual entre Tratamentos	BLUP computado considerando a heterogeneidade de variância residual entre os tratamentos	Opcional mente em vários Modelos	29

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 4.4.2, exceto aqueles com medidas repetidas.
- (b) **Forrageiras 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 4.4.2, 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 sequência: 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 & Higa, 1994), o qual é o próprio BLUP para o caso de dados balanceados (Resende & 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 consequentemente 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*	h2g = 0.0456*
Parcela	654.1289	13.5041**	0.068492**	c2parc = 0.0948**
Resíduo	-	-	0.6206	c2res=0.8595
Modelo Completo	640.6248	-	-	c2total=1.0000
Bloco	-	F = 7.0172**	-	-

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

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. No presente exemplo, verifica-se que os efeitos de genótipos e de parcelas são significativos. Consequentemente os respectivos componentes de variância são significativamente diferentes de zero assim como os respectivos coeficientes de determinação (herdabilidade dos efeitos genotípicos – h2g e coeficiente de determinação dos efeitos de parcela -c2parc, 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 prever 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 & 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 sequência 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.

Sequência 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.

h²_g = h²: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

h²_{mc}: herdabilidade da média de genótipo, assumindo ausência de perda de parcelas.

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

CVg%: 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 $(u + g) \pm t \text{ SEP}$, 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. Outra forma de verificar a existência diferença significativa entre os genótipos é por meio da diferença mínima significativa dada por

$$LSD = DMS = 1.4142 \ t \text{ SEP} = 1.4142 \ 1.96 \text{ SEP} = 2.7718 \text{ SEP}.$$

Ordem	Genotipo	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.

Sequência 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 sequencial 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 bloco.
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

$y = Xr + \beta Cov + Zg + e$, 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 β refere-se à regressão associada à covariável Cov . As letras romanas maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Sequência 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.
 $h^2_g = h^2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.
 h^2_{mc} : 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.

Sequência 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

Sequência 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 com 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 bloco.

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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Genótipo Média Obs/Parcela 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.

$h^2g = h^2$: 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.

Sequência 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.

$h^2_g = h^2$: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

h^2_{aj} : herdabilidade individual no sentido amplo, ajustada para os efeitos de linha e coluna.

c^2_{linha} : coeficiente de determinação dos efeitos de linhas.

c^2_{coluna} : 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

$y = X_t + Z_g + W_b + e$, 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Genótipo Repetição Bloco Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 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	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 sequencial 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.

Sequência 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 sequencial 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.

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 parsimônica 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) genótipo x ambiente conforme descrito por Resende (2002;2004) e Piepho & Mohring (2005) e apresentado nos itens em sequência. 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 & Thompson, 2003; 2004); componentes principais genéticos sob modelos mistos (Meyer & 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 parsimoniosos, 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 melhor 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 sequência 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 ítem: $r = u + b_{j/k} + l_k$; $g = g_i$; $i = gl_{ik}$; $e = e_{ijk}$.

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.

Sequência 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 genótipo x ambiente.

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 genótipo x ambiente.

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 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

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 (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 sequencial 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 genótipo x ambiente.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h²_g = h²: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c2bloc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco.
c2int = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente.
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 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.

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.

Sequência 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 sequencial de um local para outro, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada local.

Sequência 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 sequencial 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 genótipo x ambiente.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

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

c_{2bloc} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco.

c_{2int} = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente.

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 Media
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	0.1834

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 Geneticos (PRVG)

Ordem	Genotipo	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 Geneticos (MHPRVG)

Ordem	Genotipo	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 & Binns (1988), porém no contexto genotípico e não no contexto fenotípico. A quantidade MHPRVG*MG refere-se à MGPRVG 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; (iv) 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 & 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_{α} .

Interacao ge

Codigo	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 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.

Média dos Locais

Local	Media
1	0.2022
2	0.1782
3	0.1578

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 $g \times e$ 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 \times 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 sequência 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.

Sequência 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 genótipo x ambiente.

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 genótipo x ambiente.

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.

Sequência 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 sequencial 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 genótipo x ambiente.

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 bloco.

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

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.

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 experimento como fixos, tem-se o seguinte modelo e forma de montar as colunas do arquivo de dados.

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 experimento (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 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

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

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 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.

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

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

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 (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 sequencial 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 sequências de colunas descritas abaixo.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados – Experimento como Efeito Fixo

Local Parcela Genótipo Experimento Bloco Interação Obs/Parcela Variável 1 Variável 2

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

Local	Parcela	Genótipo	Experimento	Bloco	Interação	Obs/Parcela	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

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados – Experimento como Efeito Aleatório

Local Parcela Genótipo Média Bloco Interação Obs/Parcela 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 & Thompson, 2003; 2004); componentes principais genéticos sob modelos mistos (GPCM) (Meyer & 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, GPCM e Splines (Resende, 2002, pág 522; Resende, 2004). No entanto, os modelos ajustados via RR, GPCM 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 & 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 & 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 bloco x medição 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 (β) 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 medição.

$\sigma_{pp}^2 = \sigma_{gb}^2$: 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 parcela x medição.

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 medição 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.

Sequência 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.

Eficiencia 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	Determinacao	Acuracia	Eficiencia
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)

Selecao Individuos

Ordem	Indiv	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 repetição x medição. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições.

Sequência 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 repetição x medição. 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Genótipo Med/Repetição Bloco Parcela Repetiçã
o Variável 1 Variável 2

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	Repetiçã o	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 sequencial 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.

$h^2g = h^2$: 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 bloco.

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 o 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.

Sequência 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.

$h^2g = h^2$: 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 bloco.

$c^2_{\text{perm}} = c^2_1$: 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 o 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.

Sequência 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 sequencial 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.

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 bloco.

c2perm = c21: 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 repetição x medição. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Medição Observações Genótipo Med/Repetição Parcela Interação Repetição Variável 1 Variável 2

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).

Medição	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-genótipo. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

V_g : variância genotípica.
 V_{perm} : variância de ambiente permanente.
 V_{gm} : variância da interação genótipos x medições.
 V_e : variância residual temporária.
 V_f : 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 $(V_g + V_{perm})/V_f$.
 $c2perm = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.
 $c2gm = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições.
 $rgmed$: correlação genotípica através das 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

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	0.1834

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 Geneticos (MHVG)

Ordem	Genotipo	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 Geneticos (PRVG)

Ordem	Genotipo	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 todos as safras. Fornece, portanto, o valor genotípico médio, capitalizando a adaptabilidade.

Estabilidade e Adaptabilidade de Valores Geneticos (MHPRVG)

Ordem	Genotipo	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 & Binns (1988), porém no contexto genotípico e não no contexto fenotípico. A quantidade MHPRVG*MG refere-se à MGPRVG multiplicada pela média geral de todos as safras. Fornece, portanto, o valor genotípico médio penalizado pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade.

Interacao ge

Codigo	ge
11	0.0020
12	0.0177
21	-0.0028
23	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	Media
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 repetição x medição. 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.

Sequência 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 sequencial 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 bloco.

c2gm = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo 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 5.3 não são adequadas. A estrutura FAMM mostrou-se adequada nesse caso, embora tenha havido dificuldade de convergência no processo iterativo envolvido na análise, em alguns casos (Resende & 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 bloco x medição 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 (β) dado pela combinação bloco-medição-local. Assim, o modelo linear misto resultante equivale a $Y_{ijkn} = \beta_{jkn} + g_i + gm_{ik} + gl_{in} + gb_{ij/n} + gml_{ijn} + gbml_{ijk/n}$. 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.

$gbml_{ijk/n} = p_t$: 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 $Y_{ijkn} = \beta_{jkn} + g_i + gl_{in} + gb_{ij/n} + gbml_{ijk/n} = \beta + g_p + g_{pn} + p_p + p_t$, 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 genótipo x ambiente:

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.

Sequência 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 sequencial 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.

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

r: repetibilidade de parcelas individuais.

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

c2perm = c21: 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Genótipo Med/Rep/Loc Bloco Parcela Interação Repetição Variável 1 Variável 2

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 sequencial 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 bloco.

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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Local Observações Genótipo Med/Rep Parcela Interação Repetição Variável 1 Variável 2

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 sequencial 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.

Sequência 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 sequencial 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 genótipo x locais.

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

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 ítem 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

$y = X_t + Z_g + Q_p + T_i + W_b + e$, 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.

Sequência 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 Variável 1 Variável 2

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 sequencial 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 bloco.

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 bloco x medição 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 $c2$ 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, usando os arquivos de resultados com extensão .dev exibidos pelo Selegen-Reml/Blup.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Local Observações Genótipo Medição-Repetição-Local Gen-Local Gen-Med 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 sequencial 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 genótipo x locais.

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

c2glm = c22: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo 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 várias 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.

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 local x ano. 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).

Sequência 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 sequencial das repetições através dos locais e anos.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

V_{ga} : variância da interação genótipos x anos.
 V_{gl} : variância da interação genótipos x locais.
 V_{gla} : variância da interação genótipos x locais x anos.
 V_e : variância residual.
 V_f : variância fenotípica individual.
 $h^2_g = h^2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.
 $c^2_{ga} = c^2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x anos.
 $c^2_{gl} = c^2_1$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x locais.
 $c^2_{gla} = c^2_2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo 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 local x ano. 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).

Sequência 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 sequencial 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 genótipo 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.

r gla: 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 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 sequência 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.

Sequência 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 parcela.

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

$h2mc$: 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.

Sequência 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 sequencial 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.

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

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

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

h2mc: 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genótipo Repetição Parcela Obs/Parcela 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 parcela.

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.

Sequência 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.

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

h^2aj : herdabilidade individual no sentido amplo, ajustada para os efeitos de parcela.

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

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Os comentários apresentados no ítem 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 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genótipo Repetição Parcela Linha Coluna Obs/Parcela Variável 1 Variável 2

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 parcela.

c2linha = c21: coeficiente de determinação dos efeitos de linha.

c2coluna = c22: coeficiente de determinação dos efeitos de coluna.

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 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 12, seguindo a sequência 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.

Sequência 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 genótipo x ambiente.

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 genótipo x ambiente.

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 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genótipo Repetição Parcela Bloco Interação Obs/Parc Variável 1 Variável 2

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 sequencial 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 genótipo x ambiente.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

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

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

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

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

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

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.

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 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 pode-se empregar o modelo 129, seguindo a sequência 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.

Sequência 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 genótipo x ambiente.

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 genótipo x ambiente.

h2mc: herdabilidade da média de genótipos, 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 ítem 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 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.

Sequência 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 sequencial 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 genótipo x ambiente.

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.

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

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

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: Modelos 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 o 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. 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

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 genótipo x ambiente.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h²_g = h²: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c²_{parc} = c²: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.

c²_{int} = c²₁: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente.

h²_{mg}: 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.

CVg_i%: 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 genótipo x ambiente (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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Local Indivíduo Genótipo Repetição Parcela Interação Bloco Obs/Parc Variável 1 Variável 2

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 sequencial 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 genótipo x ambiente.
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.
 $c2_{\text{parc}} = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.
 $c2_{\text{int}} = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente.
 $c2_{\text{bloc}} = c22$: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco.
 $h2mg$: herdabilidade ajustada da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.
 Ac_{gen} : acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.
 rg_{loc} : 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

Os comentários apresentados no item 4.2.3 são igualmente válidos.

5.3 Avaliação em um local e em várias colheitas ou safras

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.

Sequência 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 repetição x medição. 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Genótipo Med-Repetição Parcela Bloco Indivíduo Medição Variável 1 Variável 2

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 sequencial de uma repetição para outra e de uma medição para outra, ou seja, os números dados aos blocos devem ser diferentes em cada repetição e medição.

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 parcela.

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 repetição x medição. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições.

Sequência 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 parcela.

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 repetição x medição 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.

Sequência 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 sequencial 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.
 $h^2_g = h^2$: coeficiente de determinação dos efeitos genotípicos de famílias.
 $c^2_{gb} = c^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.
 $c^2_{gm} = c^2_{21}$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições.
 $c^2_{gbm} = c^2_{22}$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x blocos x medições.
 $c^2_{perm} = c^2_{24}$: 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

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 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Genótipos Med-Rep-Loc Parcela Indivíduo Interação Medição 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 sequencial 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 parcela.

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 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.

Sequência 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
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 sequencial 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 parcela.

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

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

c2bloc = c24: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco.

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

$y = X_m + \beta Cov + Z_g + W_p + Q_s + T_i + S_b + e$, 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 x 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.

Sequência 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
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 sequencial 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 parcela.

c2perm: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente.

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

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco.

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 Progenies 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 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 sequência 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Obs/Parc Variáveis

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

Parcela	Progênie	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.

h2a = 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.

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	Bloc	Fam	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 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	Bloc	Fam	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 progênie 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 progênes, em conjunto com a estimativa SEP podem ser usados para a obtenção de intervalos de confiança dos valores genotípicos preditos por meio da expressão $(u + g) \pm t \text{ SEP}$, 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	Genotipo	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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Progênie Repetição Bloco Obs/Parcela Variável 1 Variável 2

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênes 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 sequencial 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 bloco.
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

$y = Xr + \beta Cov + Za + e$, 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 β refere-se à regressão associada à covariável Cov. As letras romanas maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Sequência 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.
 h2a = 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 ítem 6.1.1 são igualmente válidos.

6.1.4 Blocos Incompletos, Análise com Covariável (Modelo 137)

Modelo Estatístico

$y = Xr + \beta Cov + Za + Wb + e$, 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 ϵ 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.

Sequência 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.
h_{2a} = 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Progênie Média Obs/Parc Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies 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.

$h^2_a = h^2$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de progênie.

CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual.

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 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 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 10, seguindo a sequência 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Progenie Repetição Interação Obs/Parcela Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progenie 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	Progenie	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 genótipo x ambiente.

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 genótipo x ambiente.

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 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Progenie 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	Progenie	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-progenie. Assim, o código 12 representa local 1 progenie 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 sequencial 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 genótipo x ambiente.

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 genótipo x ambiente.
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

$y = Xr + \beta Cov + Za + Wi + e$, 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 genótipo x ambiente (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.

Sequência 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 genótipo x ambiente.

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 genótipo x ambiente.

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 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 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Parcela Progenie 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 sequencial 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 genótipo x ambiente.

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 genótipo x ambiente.

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 Progenies de Meios Irmãos (ou Polinização Aberta em Espécies Alógamas) – Várias Observações por Parcela

7.1 Avaliação em um local e em uma safra

A avaliação de progenies 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 (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 6, seguindo a sequência 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progenie Repetição Parcela Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições com 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Progenie	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_a : variância genética aditiva.
 V_{parc} : variância ambiental entre parcelas.
 V_e : variância residual (ambiental + não aditiva).
 V_f : variância fenotípica individual.
 h^2_a = h^2 : herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.
 h^2_{aj} : herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela.
 c^2_{parc} = c^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.
 h^2_{mp} : herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa.
 Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa.
 h^2_{ad} : 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Bloco Árvore Variável 1 Variável 2

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 sequencial 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 parcela.

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

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

CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual.

CVgp%: coeficiente de variação genotípica entre progênies.

CVe%: coeficiente de variação residual.

CVr = CVgp/CVe = coeficiente de variação relativa.

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.

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

$y = Xr + \beta Cov + Za + Wp + e$, 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 β refere-se à regressão associada à covariável Cov . As letras romanas maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progenie Repetição Parcela Árvore Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições com 2 plantas (árvores) por parcela e uma covariável.

Indivíduo	Progenie	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 parcela.

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

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

$y = Xr + \beta Cov + Za + Wp + Tb + e$, 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Bloco Árvore Covariável Variável 1 Variável 2

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições e 4 blocos, com 2 plantas (árvore) por parcela.

Indivíduo	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 sequencial 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 parcela.

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

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

Sequência 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)

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 parcela.

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

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.

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

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progenie Repetição Parcela Linha Coluna Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições, com 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Progenie	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.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

h2aj: herdabilidade individual ajustada, no sentido restrito.

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

c2linha = c21: coeficiente de determinação dos efeitos de linha.

c2coluna = c22: coeficiente de determinação dos efeitos de coluna.

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 & Murillo, 1999).

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” (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação progênie 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.

Sequência 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 progênes 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.

c2parejas = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parejas.

c2intFamBloc = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da interação famílias x blocos.

h2mp: herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa.

h2ad: herdabilidade aditiva dentro de parejas.

rgloc: 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 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 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Interação Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições, cada uma com 2 “pares” de cada progênie e com 1 planta (árvore) 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	2	11	1	8.6	0.54
3	2	1	3	12	1	12.4	0.25
4	2	1	4	12	1	5.3	0.74
5	1	2	5	21	1	10.7	0.55
6	1	2	6	21	1	8.2	0.42
7	2	2	7	22	1	17.4	0.35
8	2	2	8	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 sequência 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progenie 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	Progenie	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 genótipo x ambiente.

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 parcela.

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

h2mp: herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa.

h2ad: 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 o 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progénie Repetição Parcela Bloco Interação Árvore Variável 1 Variável 2

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	Progénie	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 sequencial 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 genótipo x ambiente.

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 parcela.

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

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

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

$y = Xr + \beta Cov + Za + Wp + Ti + e$, 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 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 134, seguindo a sequência 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progenie 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	Progenie	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-progenie. Assim, o código 12 representa local 1 progenie 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.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vint: variância da interação genótipo x ambiente.

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 parcela.

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

h2mp: herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa.

h2ad: 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.

6.2.4. Blocos Incompletos em Vários Locais, Análise com Covariável (Modelo 134)

Modelo Estatístico

$y = Xr + \beta Cov + Za + Wp + Qb + Ti + e$, 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 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progenie Repetição Parcela Bloco Interação Árvore Covariável Variável 1 Variável 2

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 e uma covariável.

Indivíduo	Progenie	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-progenie. Assim, o código 12 representa local 1 progenie 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 sequencial 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 genótipo x ambiente.

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 parcela.

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

c²int = c²22: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente.

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

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 bloco x medição como fixos, os

mesmos podem ser ajustados somados a média geral, em um único vetor de efeitos fixos (β) 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 medição.

$\sigma_{pp}^2 = \sigma_{gb}^2$: 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 parcela x medição.

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 do ambiente da parcela x medição (gbm) é desprezível e/ou pode ser reunido 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 medição. 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, medição e interação repetição x medição. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Progenie 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	Progenie	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-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)

Va: variância genética aditiva.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vperm: variância dos efeitos permanentes.

Ve: variância residual temporária.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

r: repetibilidade individual.

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

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 repetição x medição. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Medição Observações Progenie 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	Progenie	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-progenie. Outras codificações similares são também válidas, como por exemplo parcelas de 1 a 4.

A coluna Interação refere-se à interação progênies x medições e deve codificar combinações progenie-medição. Assim, o código 12 representa progenie 1 na medição 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. 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; 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.

h²_g = h²: herdabilidade individual entre progênies.

r: repetibilidade individual.

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

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

c₂perm = c₂₂: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.

rgmed: 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 progênies) 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, medição e interação repetição x medição. 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Progênie Med-Repetição Parcela Indivíduo Bloco Medição Variável 1 Variável 2

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies 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 sequencial 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.

h_{2a} = h₂: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

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

c₂perm = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.

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

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

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 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Progenie Med-Rep-Loc Parcela Indivíduo Interação Local Variável1 Variável2

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	Progenie	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 sequencial 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.

h²a = h²: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

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

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 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.

Sequência 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	Bloc	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

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 sequencial 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.

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.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

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

c2perm = c21: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.

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

c2bloc = c24: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco.

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, Progênies de Meios Irmãos em um Local: Modelo 5.

Várias Populações, Progênies de Meios Irmãos em Vários Locais: Modelo 14.

Várias Populações, sem Estrutura de Progênies em um Local: Modelo 24.

Várias Populações, Progênies de Meios Irmãos em um Local, Medidas Repetidas: Modelo 154.

No Selegen Windows, os modelos 5, 14 e 24 podem ser encontrados na caixa “Modelos Mistos: Delineamentos Experimentais/Materiais Genéticos/Ambientes” 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.

Sequência 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 progênes 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.

h²a = h²: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

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

c²proc = c²1: coeficiente de determinação dos efeitos de populações.

CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual.

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 6.1.1 são igualmente válidos. Adicionalmente são apresentados os valores genotípicos de populações ou procedências.

7.5.2. Blocos Completos, Várias Populações, Progênies 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 genótipo x ambiente (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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela População 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	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.

h²a = h²: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

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

c²proc = c²1: coeficiente de determinação dos efeitos de populações.

c²int = 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 parcela, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Sequência 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)

Vg: variância genotípica entre populações.

V_{parc}: variância ambiental entre parcelas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h^2_g = h^2$: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais de populações.

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

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 sua interação. É essencial que as medições sejam codificadas com diferentes números nas diferentes repetições.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Progenie 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	Variável1	Variável2
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 sequencial 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 parcela.

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

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progenie Repetição Parcela Indivíduo Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênies em 2 repetições com 2 plantas (indivíduos) por parcela.

Indivíduo	Progenie	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)

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.

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.

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

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

h2mp: herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênies, 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.

8.2 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progenie Repetição Identificação Variáveis

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

Indivíduo	Progenie	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 progenie 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.

$h_{2a} = h_2$: 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_{2mp} : herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa.

Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênie, 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 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.

Sequência 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 parcela.

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

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênie 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)

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.

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 parcela.

h2mp: herdabilidade da média de progênes, 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.

Média geral do experimento.

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.

9.2 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 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.

Esse modelo pode também ser utilizado para a seleção em plantios com sobra de mudas de progênies 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.

Sequência 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 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 genótipo x ambiente.

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 parcela.

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

h2mp: herdabilidade da média de progênes, 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.

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

$y = Xr + \beta Cov + Zg + Wp + e$, 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 parcela, 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.

Sequência 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 parcela.

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:

- 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.

- (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 cálculo 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

$y = Xr + \beta Cov + Zg + Wp + Ti + e$, 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 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 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie Repetição Parcela Interação Árvore Covariável Variável 1 Variável 2

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 genótipo x ambiente.

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 parcela.

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente.

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.

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

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 cálculo 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 Progênies S1 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 107

Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênies de uma só População, Uma Planta por Parcela: Modelo 108

Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênies 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 h^2 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, Progênies 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 parcela, e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Sequência 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 total (usando 3/2 da variância genética aditiva no numerador, quando S = 0) no sentido restrito.

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

h2mp: herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênies, 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, Progênies 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.

Sequência 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.

h2a = h2: herdabilidade individual total (usando 3/2 da variância genética aditiva no numerador, quando S = 0) no sentido restrito.

h2mp: herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênie, 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.

10.3 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.

Sequência 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.

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.

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

c_{2proc} = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos de populações.

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. 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 Progênes 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, Progênes de uma só População, Várias Plantas por Parcela: Modelo 110

Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênes de uma só População, Uma Planta por Parcela: Modelo 111

Avaliação em um Local no Delineamento de Blocos ao Acaso, Progênes 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 & Fernandes (1995) e 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, Progênes 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.

Sequência 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)

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 parcela.

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.

Sequência 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.

h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito.

h2mp: herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênie, 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.

11.3 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 o 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.

Sequência 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.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vproc: variância genética entre populações.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a = h2: herdabilidade individual total no sentido restrito.

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

c2proc = c21: coeficiente de determinação dos efeitos de populações.

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. 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 & Eberhart

$Y = M_p + 0.5 (V_i + V_j) + H_m + H_i + H_j + S_{ij} + E$, 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 da 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

$Y = M_c + G_i + G_j + S_{ij} + E$, em que:

M_c : média de todos os indivíduos em cruzamento.

G_i e G_j : efeito da capacidade geral de combinação dos indivíduos i e j , respectivamente.

(c) Equivalência entre os Modelos de Gardner & Eberhart e de Griffing

$M_c = M_p + H_m$;

$G_i = 0.5 V_i + H_i$

$G_j = 0.5 V_j + H_j$

$S_{ij} = S_{ij}$

(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 & Eberhart.

Assim, as heteroses média (H_m), H_i e H_j do modelo de Gardner & 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.

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 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 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 sequência 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Machos Repetição Fêmeas Progenie Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênie 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

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.

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 progênie.

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 Femeas

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	Familia	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	Cruzam.	Vgc	Nova Media
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	Familia	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 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Machos Repetição Fêmeas Progenie Parcela Árvore Variável1 Variável2

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições com 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Machos	Repetição	Fêmeas	Progenie	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.

V_e : variância residual.
 V_f : 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 parcela.
 $CV_{gp}\%$: 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Machos Repetição Fêmeas Progenie Bloco Árvore Variável 1 Variável 2

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

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Machos Repetição Fêmeas Progênie Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênes 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

$y = Xr + \beta Cov + Zm + Wf + Tc + e$, 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 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.

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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Machos Repetição Fêmeas Progenie Árvore Covariável Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições com 1 planta (árvores) por parcela.

Indivíduo	Machos	Repetição	Fêmeas	Progenie	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)

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: 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 progênes.
 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

$y = Xr + \beta Cov + Zm + Wf + Tc + Sp + e$, 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 β 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Machos Repetição Fêmeas Progênie Parcela Árvore Covariável Variável 1 Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênes 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.

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.

c2parc = c22: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.

CVgp%: coeficiente de variação genotípica entre progênes.

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 parcela, 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 progênies e de indivíduos podem ser utilizados, ajustando-se no lugar de parcelas ou blocos, a interação mais significativa.

Sequência 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 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.

Vfm: 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.

Vfml: variância do efeito da interação progênies x locais.

Vparc: variância entre parcelas.

Ve: 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 parcela, 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Genitores Repetição Interação_g Progênie Interação_c Bloco Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 progênie, 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.

Vfm: 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.

Vfml: variância do efeito da interação progênie x locais.

Vbloc: variância entre blocos.

Ve: 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.

c2bloc = c24: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco.

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

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-medição (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 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.

Sequência 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	Progenie	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 parcela.
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 sequência 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.

Sequência 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 sequência: 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 $(u + g) \pm t \text{ SEP}$, 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	Genotipo	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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observação Clone Repetição Bloco Obs/Parcela 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 sequencial 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 sequência: 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 bloco.

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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observação Clone Repetição Bloco Obs/Parc Covariável Variável 1 Variável 2

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 sequencial 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 sequência: 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.

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_{2bloc} = c₂: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco.

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 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 32, seguindo a sequência 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.

Sequência 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 sequência: 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 genótipo x ambiente.
 Ve: variância residual.
 Vf: variância fenotípica individual.
 h²_a = h²: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.
 c²_d: herdabilidade individual dos efeitos de dominância.
 h²_g: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.
 c²_{int} = c²: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente.
 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 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Clone Repetição Bloco Interação Local Variável 1 Variável 2

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 sequência: Clone Pai Mãe.

A numeração dos blocos deve ser sequencial 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 genótipo x ambiente.

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 bloco.

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

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

$y = Xr + \beta \text{Cov} + Za + Zd + Wb + Ti + e$, 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 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Clone Repetição Bloco Interação Local Covariável Variável 1 Variável 2

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 sequência: Clone Pai Mãe.

A numeração dos blocos deve ser sequencial 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 genótipo x ambiente.

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 bloco.

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

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:

Delineamento em Blocos Aumentados com Testemunha de Efeito Aleatório: 70.

Delineamento em Blocos Aumentados com Testemunha de Efeito Fixo: 68.

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 o 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Clone Repetição Bloco Parcela Repetição Variável 1 Variável 2

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 sequência: Clone Pai Mãe.

A numeração dos blocos deve ser sequencial 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.
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.
r: repetibilidade individual.
c²bloc = c²: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco.
c²perm = 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 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 49, seguindo a sequência 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.

Sequência 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 parcela.

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 sequencial 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 sequência: 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 bloco.

c2parc = c21: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.

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

$y = Xr + \beta \text{Cov} + Za + Zd + Wp + e$, 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, 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.

Sequência 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 sequência: 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 parcela.

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.

Sequência 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 genótipo x ambiente.

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 parcela.

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

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

$y = Xr + \beta Cov + Za + Zd + Wp + Ti + e$, 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). 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.

Sequência 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.
 V_{parc}: variância ambiental entre parcelas.
 V_{int}: variância da interação genótipo x ambiente.
 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 parcela.
 c_{2int} = c₂₁: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente.
 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.

15. Avaliação de Indivíduos em Progenies 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 sequência 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Pai Mãe Repetição Progenie Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições com 1 planta (árvore) por parcela.

Indivíduo	Pai	Mãe	Repetição	Progenie	Árvore	Variável 1	Variável 2
1	1	1	1	1	1	10.3	0.35
2	1	2	1	2	1	12.4	0.25
3	2	1	1	3	1	8.5	0.14
4	2	2	1	4	1	5.2	0.34
5	1	1	2	1	1	7.5	0.83
6	1	2	2	2	1	6.3	0.87
7	2	1	2	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)

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	Cruzam.	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

Codigo	Efeito
2	4.3249
10	-0.0369
17	-5.3322
3	-2.6962
12	5.0824

Seleção de Indivíduos

Ordem	Bloco	Familia	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.

Sequência 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 sequencial 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 bloco.

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 & Barbosa (2006).

BLUPIS de Família

Ordem	Cruzam.	g relativo
1	108	1.0000
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 sequência 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 & 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 sequência 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 “Dialéticos – Genitores não Aparentados” da tela principal. Os modelos 41 e 46 podem ser encontrados na caixa “Dialéticos – 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Local Indivíduo Pai Mãe Repetição Interação_f Progenie 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	Mae	Repetição	Interação _f	Progenie	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-progenie. Assim, o código 12 representa local 1 progenie 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 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.

Sequência 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	Mae	Repetição	Interação _f	Progênie	Bloco	Arv/Parc	Var1	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 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.

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 sequência 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 sequência 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Pai Mãe Repetição Parcela Progenie Árvore Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 4 progênies em 2 repetições com 2 plantas (árvores) por parcela.

Indivíduo	Pai	Mãe	Repetição	Parcela	Progenie	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)

V_a : variância genética aditiva.
 V_{parc} : variância ambiental entre parcelas.
 V_{fam} : variância da capacidade específica de combinação ou variância genética de dominância entre famílias de irmãos germanos.
 V_e : variância residual.
 V_f : variância fenotípica individual.
 $h_{2a} = h_2$: herdabilidade individual no sentido restrito no bloco, ou seja, dos efeitos aditivos.
 h_{2g} : herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.
 $c_{2\text{parc}} = c_2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.
 $c_{2\text{fam}} = c_{21}$: 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 é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Pai Mãe Repetição Parcela Progenie Bloco Árvore Variável 1 Variável 2

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	Progenie	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 sequencial 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 parcela.

c2fam = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.

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

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 sequência 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 sequência 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. Os modelos 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Local Indivíduo Pai Mãe Repetição Interação_f Progenie Parcela Arv/Par_c Variável 1 Variável 2

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	Mae	Repetição	Interação _f	Progenie	Parcela	Arv/Par _c	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 progênes x locais.
c2fam = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação.
c2parc = c22: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.
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.

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 sequência 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 progênes (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 & 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.

Sequência 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.

h²a = h²: 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observação Reprodutor Fixo Indivíduo Indivíduo 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	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
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

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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observação Reprodutor Fixo Família IG 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.
c²fem/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.

19. Avaliação de Indivíduos e Genitores via Testes de Progenies 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observação Genitor Bloco Família IG 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.
h2a = h2: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.
h2g = herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.
c2fem/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.

Sequência 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.

h²a = h²: 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 é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Aleatório Fixo Obs/Parcela 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.
Ve: variância residual.
Vf: variância total ou fenotípica.
c2e1 = h2: 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.

Sequência 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.

Sequência 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.

Sequência 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.

Sequência 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 & Duarte (2006), 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.

Sequência 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

$y = X_t + Z_b + e$, 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.

Sequência 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)

Vb: componente de variância entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância total ou fenotípica.

b2: coeficiente de determinação associado ao fator blocos.

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.

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

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

Sequência 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 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.

Sequência 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 bloco.
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 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. 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 $gl = [(Ve + r a/(a-1) Vint)^2 + (Ve + b Vparc)^2 - (Ve)^2] / [[(Ve + r a/(a-1) Vint)^2 / gl_{A \times B}] + (Ve + b Vparc)^2 / gl_{erro a} + (Ve)^2 / gl_{erro b}]$, segundo aproximação de Satterthwaite, a qual é válida para o caso balanceado. Para o caso desbalanceado, a abordagem de Kenward & 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 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.

Sequência 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 bloco.
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 $gl = [(Ve + r \cdot ba / (a-1) \cdot Vint)^2 + (Ve + b \cdot Vblocc)^2 - (Ve)^2] / [[(Ve + r \cdot ba / (a-1) \cdot Vint)^2 / gl_{A \times B}] + (Ve + b \cdot Vblocc)^2 / gl_{blocc/loc} + (Ve)^2 / gl_{erro}]$, segundo aproximação de Satterthwaite, a qual é válida para o caso balanceado. Para o caso desbalanceado, a abordagem de Kenward & 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 cálculo 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 cálculo 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, 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie População Parcela Repetição 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	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 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.

Vbloc: variância entre blocos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h2a: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

h2a: herdabilidade individual no sentido restrito ajustada para os efeitos de parcelas e de blocos.

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.

c2bloc: 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.

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: $QMP = QM \text{ Fixo} \times \text{Número de Repetições} / \text{Número de Procedências}$. 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, 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 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 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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Indivíduo Progênie População Parcela Bloco Interação Árvore Variável 1 Variável 2

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.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Vbloc: variância entre blocos.

Vint: variância da interação progênes 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 parcela.

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

c²int = 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. 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 progênies dentro de população, g é o vetor dos efeitos de alelos dentro de indivíduos dentro de progênies dentro de população. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Sequência 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.

Frequência 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	Populac	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.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Observações Progênie Média Indivíduo Indiv/Prog Locos

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 sequencial através das progênies

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.

Frequência 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.

Frequência Alélica por Progênie

Ordem	Progen.	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 sequência 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 & 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).

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 & 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 & 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 & 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.

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.

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 Progênes

No Selegen, experimentos com diferentes tipos de progênie (por exemplo, progênes de meios irmãos e de irmãos germanos obtidos de diferentes genitores) podem ser analisados, simultaneamente, usando-se os modelos para testes de progênes de polinização controlada (irmãos germanos) e para blocos incompletos, os quais ajustam efeitos de progênes de irmãos germanos. Entretanto, para os dados advindos de experimentos com progênes 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 progênes de meios irmãos e outro nível para as progênes de irmãos germanos. Este procedimento é estatisticamente correto pois ajusta nenhum efeito de progênie para os experimentos com progênes 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 (progênes, 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 progênes 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 (sequenciais através de locais) como blocos.

35. Análise de Experimentos com Parentesco Exato entre Indivíduos de uma Progenie

Atualmente o conhecimento do parentesco exato entre os indivíduos de uma progenie, 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. Referências Bibliográficas

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.

CRESSIE, N.A.C. *Statistics for spatial data analysis*. New York: Wiley, 1993. 900p.

CULLIS, B.R.; GLEESON, A.C. Spatial analysis of field experiments-an extension at two dimensions. *Biometrics*, v.47, p.1449-1460, 1991.

Duarte, J. B. & R. Vencovsky. 2001. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. *Scientia Agrícola*, 58 (1): 109-117.

Duarte, J. B. 2000. *Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal*. Tese de Doutorado. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, USP. Piracicaba, SP. 293 p.

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.

GILMOUR, A.R.; CULLIS, B.R.; VERBYLA, A.P. Accounting for natural and extraneous variation in the analysis of field experiments. **J. Agric., Biol. Environ. Stat.**, v.2, p.269-293, 1997.

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

HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF J. LUSH. Champaign, 1973. Champaign: American Society of Animal Science, 1973, p.10-41.

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

Kenward, M.G.; Roger, J.H. Small sample inference for fixed effects from restricted maximum likelihood. **Biometrics**, v. 53, p.983-997, 1997.

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.

MARTIN, R.J. The use of time-series models and methods in the analysis of agricultural field trials. **Commun. Stat. Theory Methods**, v.19, n.1, p.55-81, 1990.

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.

Piepho, H.P.; Mohring, J. Best linear unbiased prediction of cultivar effects for subdivided target regions. **Crop Science**, v. 45, p.1151-1159, 2006.

Resende, M. D. V. de. 1999. *Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamentos de cruzamento e estrutura de populações no melhoramento florestal*. Tese de Doutorado. Universidade Federal do Paraná, Curitiba-PR. 434 p.

Resende, M. D. V. de. 2004. *Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo*. Embrapa Florestas, Colombo-PR. 65 p. (Documentos 100).

RESENDE, M. D. V. de; FERNANDES, J. S. C. Procedimento BLUP individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**. São Paulo, v. 17, p. 89-107, 1999.

RESENDE, M. D. V. de; FERNANDES, J. S. C.; SIMEÃO, R. M. BLUP individual multivariado em presença de interação genótipo x ambiente para delineamentos experimentais repetidos em vários ambientes. **Revista de Matemática e Estatística**. São Paulo, v. 17. p. 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**, Colombo, v. 28/29, p. 37-55, 1994.

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**, Colombo, n. 32/33, p. 18-45, 1996.

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 individual*. Colombo: Embrapa Florestas, 2001. 80 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 65).

Resende, M.D.V. *Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes*. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101 p. (Documentos 47).

Resende, M.D.V. de; Duarte, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, 2005 (no prelo).

RESENDE, M.D.V. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002a. 975p.

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

RESENDE, M.D.V.; 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.; 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.; THOMPSON, R. *Multivariate spatial statistical analysis of multiple experiments and longitudinal data*. Colombo: Embrapa Florestas, 2003. 126 p. (Documentos, 90).

RESENDE, M.D.V.; THOMPSON, R.; WELHAM, S.J; BAIERL, A. Multivariate spatial statistical analysis in perennial crops. In: **International Biometric Society Conference – British Region**, 2003. **Proceedings**. Reading: School of Applied Statistics – University of Reading. p.70-71.

RESENDE, M.D.V.; 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. ; 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. Proceedings of CRCTHF-IUFRO Conference. Eucalypt Plantations: Improving Fibre Yield and Quality.. Hobart, 1995. p. 191-193.

STRINGER, J.K.; CULLIS, B.R. Joint modelling of spatial variability and interplot competition. In McCOMB, J. A. (Ed). Proceedings of the 12th Australasian Plant Breeding Conference. Perth, Western Australia, 2002. p. 614-619.

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.

VENCOVSKY, R. ; PEREIRA, M. B. ; CRISOSTÓMO, J. R. ; FERREIRA, M A J F . Genética e melhoramento de populações mistas.. In: Luciano L Nass; A C C Valoais; I S Melo; M C Valadares-Inglis. (Org.). *Recursos genéticos e melhoramento*. 1 ed. Rondonópolis: fundação MT, 2001, v. , p. 231-281.

[Resende & Barbosa \(2005\)](#)

[Resende & Barbosa \(2006\)](#)

[Resende & Rosa-Perez \(1999\)](#)

[Resende & Rosa-Perez \(2001\)](#)

Vencovsky (1992)

Federer (1958)

Rao (1952)