

FÁBIO MOREIRA SOBREIRA

**MELHOR PREDIÇÃO LINEAR NÃO VIESADA (BLUP)
MULTICARACTERÍSTICA NA SELEÇÃO RECORRENTE DE PLANTAS
ANUAIS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2009

FÁBIO MOREIRA SOBREIRA

**MELHOR PREDIÇÃO LINEAR NÃO VIESADA (BLUP)
MULTICARACTERÍSTICA NA SELEÇÃO RECORRENTE DE PLANTAS
ANUAIS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 29 de maio de 2009.

Prof. Marcos Deon Vilela de
Resende
(Co-orientador)

Prof. Cosme Damião Cruz
(Co-orientador)

Prof. Frederico de Pina Matta

Prof. Glauco Vieira Miranda

Prof. José Marcelo Soriano Viana
(Orientador)

A DEUS

Aos meus pais: João Batista (in memoriam) e Maria Francisca.

Ao meu irmão Fabrício.

AGRADECIMENTOS

A DEUS, por estar sempre presente em minha vida, iluminando o meu caminho e por ter me dado uma família maravilhosa, da qual tenho muito orgulho.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realizar este curso.

A CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao meu orientador, professor José Marcelo Soriano Viana, pela segura orientação.

Ao professor Marcos Deon Vilela de Resende, pelas valiosas sugestões, atenção, apoio e amizade.

Aos professores Cosme Damião Cruz e Glauco Vieira Miranda pelas apreciações e pelas valiosas sugestões.

A minha mãe Maria Francisca, por ser um exemplo de vida e ter dedicado a sua vida a mim e ao meu irmão.

Ao meu irmão Fabrício pelo companheirismo e apoio fundamental e irrestrito, sem o qual eu não teria chegado até aqui.

À minha família, em especial a minha avó Alzira, pela educação, carinho, compreensão e apoio, enfim por ser o que tenho de melhor.

Ao meu primo Erick por ser a minha família em Viçosa.

Aos amigos Caio e Gustavo pela grande amizade, por serem meus irmãos do coração.

Aos amigos Vinícius e Cristina, pela amizade e colaboração.

Aos amigos do melhoramento de milho-pipoca: Magno, Ísis, Ramon, Keny, Admilson, Rodrigo e Gabriel pela colaboração e agradável convivência.

Aos amigos do laboratório de Bioinformática: Felipe, Eliel, Márcio, Livia, Moysés, Carol, Rafael e Danielle por me receberem de coração aberto.

Aos amigos do GenMelhor: Janaína, Josi, Gustavinho, Miguel, Jefferson e Gilberto pela amizade e por contribuírem para o crescimento do grupo.

A colônia Alegrense em Viçosa: Gilberto, Marcelo Curitiba, Patrick, Wagner, Gustavo Sessa, Leandro, Éder Braw, Danilo, Maristela e Moisés.

Aos funcionários Vicente, Márcio e Antônio, pelos esforços despendidos nos trabalhos de campo.

Às secretárias do curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Rita e Edna e a ex-secretaria Rose, pelo apoio, dedicação, atenção e amizade.

Aos amigos da pós-graduação: André, Marcos, Jaqueline, Éder e Marcelo.

Ao amigo Luís, por ter sido meu companheiro de estudos desde os tempos do curso de Técnico em Agropecuária até a conclusão do curso de Agronomia.

Aos amigos da Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Alegre (FAFIA) por todo carinho dedicado a mim durante o curso de Letras.

A todos os amigos do Centro de Ciências Agrárias da UFES (CCAUFES), em especial ao amigo e ex-orientador professor Frederico de Pina Matta por ter acreditado no meu potencial, ter me incentivado a ingressar no programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento da UFV e por estar sempre ao meu lado.

Aos muitos professores que tive, pela atenção, disponibilidade e ensinamentos.

Ao povo brasileiro, que pagando seus impostos, possibilitou minha formação acadêmica.

A todos que colaboraram para a realização deste trabalho, meu sincero agradecimento.

BIOGRAFIA

FÁBIO MOREIRA SOBREIRA, filho de João Batista Sobreira e Maria Francisca Moreira Sobreira, nasceu na cidade de Alegre - ES, em 24 de dezembro de 1981.

Em 1997 ingressou no Ensino Médio/Técnico em Agropecuária na Escola Agrotécnica Federal de Alegre (EAFA), obtendo o diploma de Técnico em Agropecuária em 1999.

Em 2000 ingressou no curso de Técnico em Informática na EAFA, obtendo o diploma de Técnico em Informática em 2001.

Em 2002, ingressou no curso de Letras na Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Alegre (FAFIA), obtendo o diploma de Licenciado em Letras em 2005.

Em 2002, ingressou no curso de Agronomia no Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Espírito Santo (CCAUFES), obtendo o diploma de Engenheiro Agrônomo em 2007.

Em 2007, ingressou no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em nível de mestrado, com ênfase em Genética Quantitativa e Melhoramento de Milho-Pipoca, submetendo-se à defesa de tese em 29 de maio de 2009.

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	viii
1- INTRODUÇÃO	1
2- MATERIAL E MÉTODOS	3
3- RESULTADOS	7
4- DISCUSSÃO	9
5- REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	17
ANEXOS	23

RESUMO

SOBREIRA, Fábio Moreira, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, maio de 2009.
Melhor Predição Linear Não Viesada (BLUP) multicaracterística na seleção recorrente de plantas anuais. Orientador: José Marcelo Soriano Viana. Co-orientadores: Marcos Deon Vilela de Resende e Cosme Damião Cruz.

A metodologia BLUP, que é amplamente utilizada na avaliação genética animal e florestal também pode ser aplicada no melhoramento de culturas anuais. O objetivo deste estudo foi comparar a acurácia e a eficiência da seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos através da utilização do BLUP multicaracterística, BLUP unicaracterística e seleção fenotípica. Dados de capacidade de expansão e produção de dois ciclos de seleção recorrente em uma população de milho-pipoca foram analisados. Os testes de progênies foram delineados como um látice. Visando maximizar a acurácia da predição dos valores genéticos as análises BLUP incluíram valores fenotípicos dos dois ciclos. Todas as análises estatísticas foram realizadas utilizando o software ASREML. O método BLUP multicaracterística apresentou maior acurácia e eficiência de seleção de famílias. No caso da seleção dentro de famílias a acurácia e a eficiência dos métodos BLUP multicaracterística e BLUP unicaracterística foram equivalentes. A eficiência de seleção do BLUP multicaracterística foi dependente dos parâmetros genéticos estimados, particularmente da diferença entre as correlações genéticas e ambientais das características.

ABSTRACT

SOBREIRA, Fábio Moreira, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, May, 2009.
Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) multi-trait in recurrent selection of annual plants. Advisor: José Marcelo Soriano Viana. Co-advisors: Marcos Deon Vilela de Resende and Cosme Damião Cruz.

The BLUP methodology, which is widely used in animal and forestry genetic evaluation, can also be applied to annual crop breeding. The objective of this study was to compare the accuracy and efficiency of among- and within-half-sib family selection through the use of multi-trait BLUP, single-trait BLUP and phenotypic selection. Expansion volume and yield data from two recurrent selection cycles of a popcorn population were analyzed. Progeny tests were designed as a lattice. In order to maximize accuracy of the prediction of breeding values, the BLUP analyses included phenotypic values of the two cycles. All statistical analyses were performed using the ASREML software. The multi-trait BLUP method demonstrated greater accuracy and efficiency in family selection. In the case of within-family selection, both accuracy and efficiency of multi-trait or single-trait BLUP methods were equivalent. The selection efficiency of the multi-trait BLUP was dependent on the estimated genetic parameters, particularly the difference between the genetic and environmental correlations of the traits.

1. INTRODUÇÃO

A predição acurada dos valores genéticos aditivos dos indivíduos candidatos à seleção é desejável em qualquer programa de melhoramento. A correlação entre os valores preditos e verdadeiros é denominada acurácia (Van Vleck et al. 1987). Henderson (1975) afirma que a acurácia da predição dos valores genéticos aditivos pode ser melhorada pela utilização de todas as informações de parentesco entre os indivíduos que estão sendo avaliados. Isto pode ser realizado pela metodologia de modelos mistos para obtenção do BLUP (Melhor Preditor Linear Não-Viesado), em que se utiliza a matriz de parentesco completa. O uso dessa matriz e de todos os dados disponíveis, simultaneamente, faz com que o BLUP apresente grande superioridade sobre outros métodos de predição, especialmente para características de baixa herdabilidade.

Normalmente a seleção dos indivíduos superiores é feita com base em várias características, as quais podem ser geneticamente e fenotipicamente correlacionadas. Viés de seleção pode ocorrer se tais características forem analisadas individualmente, principalmente com seleção em níveis independentes de corte (Pollak et al. 1984, Im et al. 1989). Visando evitar este viés e obter predições dos valores genéticos aditivos mais precisas e acuradas, Henderson e Quaas (1976) propuseram uma extensão da metodologia de modelos mistos, denominada BLUP multicaracterística. Esta análise tende a apresentar maior acurácia por considerar simultaneamente um maior número de informações e utilizar as correlações genéticas e fenotípicas entre as características.

O BLUP multicaracterística tem sido empregado no melhoramento florestal e em outras culturas perenes. Costa e Silva et al. (2000) primeiro conduziram uma avaliação BLUP unicaracterística para identificar progenitores superiores de abeto

vermelho (*Picea abies*). Depois os autores aplicaram um modelo multicaracterística para construir um índice para o melhoramento genético de múltiplas características. Um modelo BLUP multicaracterística também foi utilizado na análise de dados de nogueiras (*Juglans regia*). Neste estudo o BLUP baseado nas estimativas de desempenho dos progenitores foi superior a média comum da família (Aleta et al. 2004). Em pêssgo (*Prunus persica*), de Souza et al. (1998a, b) usaram um modelo BLUP multicaracterística para estimar correlações genéticas e fenotípicas entre características. Em geral, tanto para características reprodutivas como dos frutos, a correlação genética entre pares de características foi maior que a correlação fenotípica. O uso do BLUP multicaracterística na predição dos valores genéticos aditivos de culturas anuais ainda é raro, sendo recomendado por Piepho e Möhring (2006) e Piepho et al. (2007).

A seleção no melhoramento de plantas anuais tem sido feita com base em valores fenotípicos: médias fenotípicas na etapa da seleção de famílias e valores fenotípicos individuais na etapa da seleção dentro de progênies (Hallauer e Miranda Filho, 1995). Os métodos de predição BLUP multicaracterística e BLUP unicaracterística podem ser alternativas mais eficientes nesse processo de seleção recorrente.

O objetivo deste estudo foi comparar a acurácia e a eficiência de seleção dos métodos BLUP multicaracterística, BLUP unicaracterística e seleção fenotípica, no melhoramento de plantas anuais, empregando seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

No caso de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos o uso de BLUP visa à predição dos valores genéticos aditivos dos pais comuns das progênes (Faria, 2008) e dos indivíduos no lote de recombinação (Almeida, 2009). Os modelos adequados às análises são empregados comumente na avaliação genética animal: modelo de reprodutor e modelo animal. Como não é possível ajustar o modelo animal com dominância, mesmo combinando dois ou mais ciclos, pois em qualquer ciclo com progênes de meios-irmãos a matriz de parentesco genético devido à dominância dos indivíduos no lote é uma identidade, ambos os modelos incluem apenas um vetor de valores genéticos. Se cada família e cada indivíduo foram mensurados em relação a t caracteres e y_k é o vetor de valores fenotípicos em relação ao k -ésimo caráter, então, assumindo avaliação das progênes em látice, com efeito fixo de repetição e efeito aleatório de bloco dentro de repetição (análise com recuperação da informação interblocos), os modelos de análise dos dados do teste e do lote de recombinação são:

$$y = X\beta + Z_1u_1 + Z_2u_2 + \varepsilon$$

$$y = X\beta + Zu + \varepsilon$$

em que $y' = [y'_1 \ y'_2 \ \dots \ y'_t]$, X é a matriz de incidência dos efeitos fixos, β é o vetor de efeitos fixos ($\beta' = [M_1 \ r_{1_1} \ \dots \ r_{t_1} \ \dots \ M_t \ r_{t_1} \ \dots \ r_{t_t}]$ e $\beta' = [M_1 \ \dots \ M_t]$, respectivamente, sendo M_k a média populacional do k -ésimo caráter), Z_1 , Z_2 e Z são as matrizes de incidência dos efeitos aleatórios, u_1 é o vetor de efeitos de bloco dentro de repetição ($u'_1 = [(b|r)_{1_1} \ \dots \ (b|r)_{b_1} \ \dots \ (b|r)_{1_t} \ \dots \ (b|r)_{b_t}]$), u_2 é o vetor de valores genéticos aditivos dos pais comuns das famílias, divididos por 2

$(u'_2 = [(1/2)A_{1_1} \dots (1/2)A_{f_1} \dots (1/2)A_{1_t} \dots (1/2)A_{f_t}])$, u é o vetor de valores genéticos aditivos dos indivíduos no lote $(u' = [A_{1_1} \dots A_{p_1} \dots A_{1_t} \dots A_{p_t}])$, e ε é o vetor de resíduos $(\varepsilon' = [\varepsilon'_1 \ \varepsilon'_2 \dots \varepsilon'_t])$.

O critério de obtenção do melhor preditor linear não-viesado de um vetor aleatório é a maximização da função densidade de probabilidade conjunta de y e do(s) vetor(es) aleatório(s), obtendo, sob normalidade, as equações de modelo misto (MME) (Henderson 1974). Alternativamente obtém-se as MME pela maximização da função densidade de probabilidade conjunta do(s) vetore(s) aleatório(s) e ε . Em relação ao modelo $y = X\beta + Z_1u_1 + Z_2u_2 + \varepsilon$ tem-se

$$f(u_1, u_2, \varepsilon) = \frac{1}{(2\pi)^{t(b+f+n)/2}} \left[\begin{matrix} G_1 & \Phi & \Phi \\ \Phi & G_2 & \Phi \\ \Phi & \Phi & R \end{matrix} \right]^{-1/2} \cdot \exp \left\{ -\frac{1}{2} \left[\begin{matrix} u_1 \\ u_2 \\ y - X\beta - Z_1u_1 - Z_2u_2 \end{matrix} \right] \begin{bmatrix} G_1^{-1} & \Phi & \Phi \\ \Phi & G_2^{-1} & \Phi \\ \Phi & \Phi & R^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ y - X\beta - Z_1u_1 - Z_2u_2 \end{bmatrix} \right\}$$

A maximização de $f(y, u_1, u_2)$ com respeito a β, u_1 e u_2 requer a minimização de

$$Q = u_1'G_1^{-1}u_1 + u_2'G_2^{-1}u_2 + (y - X\beta - Z_1u_1 - Z_2u_2)'R^{-1}(y - X\beta - Z_1u_1 - Z_2u_2)$$

Derivando em relação a β, u_1 e u_2 e tornando as derivadas identicamente nulas, resulta que

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1 & X'R^{-1}Z_2 \\ Z_1'R^{-1}X & Z_1'R^{-1}Z_1 + G_1^{-1} & Z_1'R^{-1}Z_2 \\ Z_2'R^{-1}X & Z_2'R^{-1}Z_1 & Z_2'R^{-1}Z_2 + G_2^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^0 \\ \tilde{u}_1 \\ \tilde{u}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z_1'R^{-1}y \\ Z_2'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

em que:

$R = \text{Cov}(E)_{(t)} \otimes I_{(n)}$, sendo $\text{Cov}(E)_{(t)}$ a matriz de variâncias residuais relativa aos t caracteres;

$G_1 = \text{Cov}(B | R)_{(t)} \otimes I_{(b)}$, sendo $\text{Cov}(B | R)_{(t)}$ a matriz de variâncias dos efeitos de bloco dentro de repetição, relativa aos t caracteres; e

$G_2 = (1/4) \cdot \text{Cov}(A)_{(t)} \otimes A_{(f)}$, sendo $\text{Cov}(A)_{(t)}$ a matriz de variâncias genéticas aditivas relativa aos t caracteres, e A a matriz de parentesco genético aditivo dos pais comuns das famílias.

Em relação ao modelo $y = X\beta + Zu + \varepsilon$, tem-se que $\text{Var}(u) = G = \text{Cov}(A)_{(t)} \otimes A_{(p)}$, sendo A a matriz de parentesco genético aditivo dos indivíduos no lote.

As acurácias das análises BLUP multicaracterística e BLUP unicaracterística são:

$$r_{A\tilde{A}} = \sqrt{1 - \left(\frac{\text{PEV}}{(1/4)\tilde{\sigma}_A^2} \right)}, \text{ para os dados do teste, e}$$

$$r_{A\tilde{A}} = \sqrt{1 - \left(\frac{\text{PEV}}{\tilde{\sigma}_A^2} \right)}, \text{ para os dados do lote,}$$

sendo PEV a variância do erro de predição e $\tilde{\sigma}_A^2$ o estimador de máxima verossimilhança restrita da variância aditiva.

Dados de 196 famílias de meios-irmãos de dois ciclos de seleção recorrente na população de milho-pipoca Viçosa foram analisados para a seleção entre famílias. Os experimentos foram delineados como látice 14 x 14 simples e conduzidos no campo experimental da Universidade Federal de Viçosa, em Coimbra, Minas Gerais, nos anos agrícolas de 99/00 e 01/02. As seguintes características foram avaliadas em cada parcela experimental: estande final (covariável), produção (kg/ha), umidade dos grãos (covariável) e capacidade de expansão (CE; ml/g), avaliada em pipoqueira de ar quente, utilizando amostra de 30g. Comparou-se a acurácia e as eficiências de

seleção das 20 melhores famílias do segundo ciclo pelos métodos BLUP multicaracterística e BLUP unicaracterística, a partir da análise dos dois ciclos conjuntamente, e por seleção fenotípica com base na média de família, utilizando apenas o experimento do segundo ciclo.

Para a seleção dentro de famílias dados de 400 plantas dos lotes de recombinação foram analisados. Os experimentos foram realizados no campo experimental da Universidade Federal de Viçosa em Ponte Nova, Minas Gerais, nos anos agrícolas de 00/01 e 02/03. Em cada planta foi avaliada a produção, em gramas/0,18m², e a capacidade de expansão, medida em pipoqueira de ar quente, utilizando amostra de 10g. Comparou-se a acurácia e as eficiências de seleção dos 196 melhores indivíduos do lote do segundo ciclo pelos métodos BLUP multicaracterística e BLUP unicaracterística, a partir da análise dos dois ciclos conjuntamente, e por seleção fenotípica individual (massal), utilizando apenas os dados do segundo ciclo.

Para os métodos BLUP multicaracterística e BLUP unicaracterística foram utilizados conjuntamente dois ciclos de seleção, enquanto que para a seleção fenotípica somente o segundo ciclo foi considerado, essa diferença de tamanho amostral conduz a distintas estimativas de componentes de variância e impede que a acurácia da seleção fenotípica, obtida por meio da raiz quadrada da herdabilidade da seleção fenotípica seja comparada as demais. Para que a acurácia do método de seleção fenotípica pudesse ser comparada as demais, esta foi obtida por meio da multiplicação da acurácia do BLUP multicaracterística, assumida como valor paramétrico, pela coincidência (%) entre as famílias ou indivíduos selecionados pelas análises multicaracterística e pela seleção fenotípica. Também foram obtidas as coincidências de famílias e indivíduos selecionados pelas análises multicaracterística

e unicaracterística. A eficiência de seleção em relação à análise fenotípica foi obtida pela razão entre as acurácias multicaracterística e seleção fenotípica, e unicaracterística e seleção fenotípica.

Visando análises mais acuradas na seleção entre famílias, estas foram realizadas com recuperação da informação interblocos, ou seja, com efeito aleatório de bloco|repetição. Em todas as análises foi utilizado o software ASREML (Gilmour et al. 2002).

3. RESULTADOS

Seleção entre famílias

As estimativas da variância aditiva, variância residual e herdabilidade foram muito próximas entre as análises BLUP multicaracterística e unicaracterística (Tabela 1). Observou-se maior herdabilidade para produção do que para CE. O BLUP multicaracterística apresentou elevada acurácia quando comparado à seleção fenotípica e acurácia superior à obtida pelo BLUP unicaracterística, resultando em alta eficiência de seleção em relação à análise fenotípica e considerável eficiência de seleção frente à análise unicaracterística. A análise multicaracterística foi 10% superior ao BLUP unicaracterística para CE e 4% mais eficiente para produção, valores estes obtidos pela razão entre a acurácia multicaracterística e unicaracterística para cada variável. Independente da análise considerada, maior acurácia foi obtida para produção e maior eficiência de seleção para CE. As análises BLUP multicaracterística e unicaracterística foram 150% e 128% superiores à seleção fenotípica para CE e 82% e 75% superiores para produção. A correlação genética entre CE e produção foi negativa (-0,6080), a correlação residual foi baixa (0,1563) e a correlação fenotípica foi praticamente nula (0,1262).

Em relação à coincidência envolvendo as 20 melhores famílias selecionadas do segundo ciclo pelos métodos BLUP multicaracterística e BLUP unicaracterística, a partir da análise dos dois ciclos conjuntamente, e por seleção fenotípica com base na média de família, utilizando apenas o experimento do segundo ciclo, 65% das famílias selecionadas para CE e produção pela análise unicaracterística, também foram selecionadas pela análise multicaracterística. Enquanto que para a seleção fenotípica apenas 40% das famílias selecionadas para CE e 55% das selecionadas para produção também foram selecionadas pelo BLUP multicaracterística.

Seleção dentro de famílias

As estimativas da variância aditiva, variância residual e herdabilidade também foram muito semelhantes entre as análises BLUP multicaracterística e unicaracterística (Tabela 2). Nestas análises verificou-se maior herdabilidade para CE do que para produção. A acurácia e a eficiência de seleção das análises BLUP multicaracterística e unicaracterística foram equivalentes. Conseqüentemente a eficiência de seleção em relação à seleção fenotípica foi idêntica para as análises multicaracterística e unicaracterística, correspondendo a 9% para CE e 26% para produção, não existindo eficiência de seleção da análise multicaracterística em relação à unicaracterística. Independente da análise considerada, maior acurácia foi obtida para CE e maior eficiência de seleção para produção. A correlação genética entre as variáveis foi baixa (0,1291), enquanto as correlações residual (0,0431) e fenotípica (0,0686) foram praticamente nulas.

Em relação à coincidência envolvendo os 196 melhores indivíduos selecionados do segundo ciclo pelos métodos BLUP multicaracterística e BLUP unicaracterística, a partir da análise dos dois ciclos conjuntamente, e por seleção fenotípica com base na média de família, utilizando apenas o experimento do

segundo ciclo, 98,5% e 96,5% dos indivíduos selecionados para CE e produção, respectivamente, pela análise unicaracterística também foram selecionados pela análise multicaracterística. Enquanto que para a seleção fenotípica 92% dos indivíduos selecionados para CE e 79,5% dos selecionados para produção também foram selecionadas pelo BLUP multicaracterística.

4. DISCUSSÃO

Seleção entre famílias

A maior acurácia e eficiência de seleção apresentadas pelo método BLUP multicaracterística, em relação à análise unicaracterística, deve-se principalmente à grande diferença existente entre a correlação genética (-0,6080) e a ambiental (0,1563), em relação à produção e à CE (Tabela 1). Segundo Schaeffer (1984) e Thompson e Meyer (1986), o incremento da acurácia proporcionado pela utilização do BLUP multicaracterística é proporcional à diferença absoluta entre as correlações genéticas e ambientais das características.

Sendo as herdabilidades entre as características avaliadas iguais, a eficiência de seleção do BLUP multicaracterística em relação ao unicaracterística depende apenas da diferença absoluta entre a correlação genética e ambiental das variáveis analisadas (Resende 2002, 2007). Como foram observadas diferenças entre as herdabilidade estimadas para CE e produção, estas também podem ter sido fator preponderante para o incremento significativo da acurácia da análise multicaracterística em relação à unicaracterística.

Esses resultados corroboram com os obtidos por Bauer e Leon (2008) e Persson e Andersson (2004). Os primeiros autores simularam características com diferentes valores de herdabilidade e correlação, obtendo maior eficiência de seleção com o BLUP multicaracterística, em relação às análises que consideraram apenas

uma característica, principalmente quando a correlação entre as duas características era desfavorável. No segundo trabalho os autores utilizaram simulação Monte Carlo em pinheiro silvestre (*Pinus sylvestris*) para comparar a predição dos valores genéticos por BLUP multicaracterística e unicaracterística considerando diferentes valores de correlações genéticas, ambientais e herdabilidades. Os autores observaram que os preditores multicaracterística resultaram em um menor viés médio que as análises unicaracterística, sendo, portanto mais acurados. A maior acurácia do BLUP multicaracterística foi também constatada por Da Costa et al. (2002) que avaliando o BLUP multicaracterística no melhoramento de seringueira (*Hevea brasiliensis*), considerando interação genótipo-ambiente descreveram que os preditores multicaracterística foram mais acurados que o modelo unicaracterística. Resultado semelhante foi obtido por Kerr et al. (1998) que compararam a eficiência do BLUP multicaracterística e unicaracterística na seleção de cultivares de polinização aberta e controlada de árvores florestais, observando maior eficiência de seleção para a análise multicaracterística. Neste trabalho, os autores evidenciaram que o aumento do número de características consideradas como critério de seleção proporcionou maior vantagem da análise multicaracterística em relação à unicaracterística. Quando o número de características utilizadas como critério de seleção foi três, o incremento da análise multicaracterística em relação à unicaracterística foi inferior a 1% para todas cultivares. No entanto, quando o número de características utilizadas como critério de seleção foi cinco, o incremento em acurácia da análise multicaracterística foi de 3% para as cultivares de polinização aberta e de 1,3% para as cultivares de polinização controlada. Kadarmideen et al. (2003) trabalhando com gado leiteiro, compararam a acurácia da predição dos valores genéticos da avaliação unicaracterística para fertilidade com a acurácia da avaliação multicaracterística das

características fertilidade e produção de leite. Os valores genéticos preditos e o ranqueamento dos animais foram significativamente diferentes entre as análises unicaracterística e multicaracterística. A análise multicaracterística melhorou a acurácia dos valores genéticos preditos para cada característica envolvida, por meio da redução da variância do erro de predição (PEV). A avaliação multicaracterística das características fertilidade e produção foi altamente recomendada pelos autores, sendo esta análise eficiente principalmente para características que apresentem correlação genética desfavorável. Outra vantagem da utilização da análise multicaracterística observada neste trabalho é o fato desta análise permitir a predição dos valores genéticos de indivíduos para uma característica que sequer foi avaliada, por meio da avaliação de uma característica correlacionada. Neste estudo os valores genéticos preditos para a fertilidade foram obtidos para animais avaliados somente para produção de leite.

A eficiência de seleção do BLUP multicaracterística em relação à seleção fenotípica foi obtida pela razão entre a acurácia da análise multicaracterística e a acurácia da seleção fenotípica, e esta apresenta reduzida acurácia quando realizada sobre características de baixa herdabilidade. Compreende-se assim que a diferença entre a eficiência de seleção obtida para CE, pela análise multicaracterística em relação à seleção fenotípica (150%), e a eficiência de seleção obtida pela análise multicaracterística em relação à seleção fenotípica para produção (82%) é dada pelo fato da produção apresentar maior estimativa de herdabilidade (obtida pela análise multicaracterística considerando os dois ciclos), resultando em maior acurácia da seleção fenotípica e menor eficiência da seleção multicaracterística, quando comparada à observada para CE. A análise da eficiência da seleção unicaracterística

em relação à seleção fenotípica apresentou comportamento semelhante ao discutido para a análise multicaracterística.

A coincidência envolvendo as 20 famílias selecionadas pelas diferentes análises considerou a análise multicaracterística como metodologia de seleção ideal por utilizar os dois ciclos de seleção entre famílias e analisar simultaneamente as variáveis CE e produção, e como análises mais acuradas aquelas que apresentavam maior porcentagem de famílias selecionadas em comum com a análise multicaracterística. Em relação à análise unicaracterística, apesar da produção apresentar maior acurácia, a coincidência entre as famílias selecionadas para CE e produção pelas análises unicaracterística e multicaracterística foi idêntica, correspondendo a 65%. Na seleção fenotípica, os resultados seguiram a tendência das acurácias apresentadas, sendo notada coincidência de 40% e 55% para CE e produção, respectivamente, entre as famílias selecionadas pelas análises multicaracterística e fenotípica. Na seleção fenotípica a maior acurácia apresentada para produção já era esperada, pelo fato desta apresentar maior herdabilidade. Supondo que a seleção entre famílias fosse realizada considerando uma intensidade de seleção de 20% (40 famílias selecionadas), as coincidências entre as famílias selecionadas pelas diferentes análises e pela análise multicaracterística seriam maiores, sendo iguais a 72,5% e 87,5% de coincidência entre as famílias selecionadas para CE e produção, respectivamente pelas análises unicaracterística e multicaracterística. Em relação a seleção fenotípica, 52,5% das famílias selecionadas para CE e 62,5% das famílias selecionadas para produção também seriam selecionadas pela análise multicaracterística. Esses resultados são concordantes com as acurácias apresentadas pelas características, sendo notada maior coincidência entre as famílias selecionadas para CE que apresentou maior acurácia. Evidenciando

que a coincidência entre as famílias selecionadas pelas diferentes análises depende também da intensidade de seleção utilizada.

Seleção dentro de famílias

O BLUP multicaracterística apresentou acurácia equivalente ao unicaracterística, resultando em eficiência de seleção idêntica para ambos os casos, fato que revela que, nas condições (parâmetros genéticos) estudadas, a seleção multicaracterística não traz vantagem em relação à unicaracterística (Tabela 2).

Como enfatizado anteriormente, a decisão pela utilização do BLUP multicaracterística, ao invés de unicaracterística, irá depender, principalmente, das herdabilidades e correlações entre as características, pois conforme a combinação entre tais parâmetros, a eficiência entre esses dois modelos pode ser semelhante. Assim, nas situações onde todas as características são observadas em cada planta, onde as herdabilidades das características são similares, e onde todas as características são favoravelmente correlacionadas, a análise com modelo que considera múltiplas características poderá não fornecer um incremento significativo no valor da acurácia das avaliações genéticas (Schaeffer 1993). Dessa forma, os preditores do método multicaracterística são equivalentes aos preditores do método unicaracterística (Mrode 2005). Como a diferença entre a correlação genética (0,1291) e ambiental (0,0431), para CE e produção, foi muito reduzida, não há nenhum benefício com a utilização do BLUP multicaracterística em relação ao unicaracterística, conforme evidencia a eficiência de seleção apresentada por estas análises.

A equivalência da eficiência das análises BLUP multicaracterística e unicaracterística vai de encontro ao trabalho realizado por Jain et al. (2000), que comparando a acurácia e a eficiência de seleção de touros usando métodos

convencionais e o método BLUP sob um modelo animal individual avaliaram vários modelos BLUP unicaracterística e multicaracterística, sendo observada maior acurácia e eficiência de seleção do método BLUP multicaracterística sob modelo animal para a seleção de touros. Evidenciando que a análise BLUP multicaracterística utilizando modelo animal pode ser mais ou menos acurada que a análise unicaracterística, dependendo dos parâmetros genéticos estimados.

A eficiência de seleção obtida para produção, pelas análises multicaracterística e unicaracterística, em relação à seleção fenotípica (26%), deve-se principalmente à reduzida acurácia da seleção fenotípica quando realizada sobre características de baixa herdabilidade. Como CE apresentou maior estimativa de herdabilidade a acurácia da seleção fenotípica foi mais elevada em relação à obtida para produção, reduzindo a eficiência das análises multicaracterística e unicaracterística em relação à seleção fenotípica para (9%).

A coincidência envolvendo os 196 melhores indivíduos selecionados pelas diferentes análises também considerou a análise multicaracterística como metodologia de seleção ideal, por utilizar os dois ciclos de seleção dentro de famílias e analisar simultaneamente as variáveis CE e produção, e como análises mais acuradas aquelas que apresentavam maior porcentagem de indivíduos selecionados em comum com a análise multicaracterística. Considerando a análise unicaracterística 98,5% e 96,5% dos indivíduos selecionados para CE e produção, respectivamente pela análise unicaracterística também foram selecionados pelo BLUP multicaracterística. Enquanto que para a seleção fenotípica 92% e 79,5% dos indivíduos selecionados para CE e produção também foram selecionados pela análise multicaracterística. Os resultados foram concordantes com as acurácias apresentadas pelas metodologias, sendo notada, tanto para a análise unicaracterística como para a

seleção fenotípica, maior acurácia na seleção de indivíduos para CE. Na seleção fenotípica a maior acurácia apresentada para CE já era esperada, pelo fato desta apresentar maior herdabilidade.

As desvantagens do BLUP multicaracterística em relação ao BLUP unicaracterística são devidas ao fato da análise multicaracterística utilizar modelos mais complexos (maior número de parâmetros), exigindo grande requerimento computacional e dificuldade para a obtenção de convergência nas estimativas dos parâmetros genéticos. Adicionalmente têm-se problemas relacionados à baixa parcimônia (necessita estimar um maior número de parâmetros, estando mais sujeito a erro), sendo dificultada a utilização desta metodologia considerando mais de três características simultaneamente (Resende 2007).

Conforme demonstrado, a eficiência de seleção do BLUP multicaracterística depende acima de tudo dos parâmetros genéticos estudados, particularmente da diferença absoluta entre as correlações genéticas e ambientais das características analisadas. Na seleção entre famílias, onde existiu grande diferença entre essas correlações, o BLUP multicaracterística foi 150% e 82% mais eficiente que a seleção fenotípica para CE e produção e 10% e 4% mais eficiente que a análise unicaracterística para CE e produção, respectivamente, justificando a utilização desta metodologia. Para a seleção dentro de famílias, apesar da reduzida diferença absoluta entre as correlações genéticas e ambientais das características analisadas e a conseqüente equivalência de eficiência das análises multicaracterística e unicaracterística, a utilização desta metodologia também é justificada, pois proporcionou 9% de incremento na eficiência de seleção para CE e 26% de aumento na eficiência de seleção para produção, em relação à análise fenotípica. Dessa forma

o BLUP multicaracterística deve ser visto como uma importante ferramenta para aumentar a resposta à seleção recorrente no melhoramento de plantas anuais.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALETA, N.; NINOT, A.; VOLTAS, J. Retrospective evaluation of parental selection in nursery tests of *Juglans regia* L. using a mixed model analysis. **Silvae Genet.**, v. 53, n. 1, p. 26–33, 2004.
- ALMEIDA, I. F. **Melhor Predição Linear Não-Viesada (BLUP) na seleção dentro de famílias não-endógamas de culturas anuais**. Dissertação de mestrado, UFV, Viçosa, 2009, 61p.
- BAUER, A. M.; LEON, J. Multiple-trait breeding values for parental selection in self-pollinating crops. **Theor. Appl. Genet.**, v. 116, p. 235-242, 2008.
- COSTA E SILVA, J.; WELLENDORF, H.; BORRALHO, N. M. G. Prediction of breeding values and expected genetic gains in diameter growth, wood density and spiral grain from parental selection in *Picea abies* (L.) KARST. **Silvae Genet.**, v. 49, p. 102–109, 2000.
- DA COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; GONÇALVES, P. S.; SILVA, M. A. Individual multivariate REML/BLUP in the presence of genotype x environment interaction in rubber tree breeding. **Crop Breeding And Applied Biotechnology**, v. 2, n. 1, p. 131-140, 2002.
- DE SOUZA, V. A. B.; BYRNE, D. H.; TAYLOR, J. F. Heritability, genetic and phenotypic correlations, and predicted selection response of quantitative traits in peach: I. An analysis of several reproductive traits. **J. Am. Soc. Hort. Sci.** v. 123, p. 598–603, 1998a.
- DE SOUZA, V. A. B.; BYRNE, D. H.; TAYLOR, J. F. Heritability, genetic and phenotypic correlations, and predicted selection response of quantitative traits in peach: II. An analysis of several fruit traits. **J. Am. Soc. Hort. Sci.** v. 123, p. 604–611. 1998b.

- FARIA, V. R. **Melhor Predição Linear Imparcial (BLUP) No Melhoramento Vegetal: Seleção entre Famílias de Meios-Irmãos**. Dissertação de mestrado, UFV, Viçosa, 2008, 60p.
- GILMOUR, A. R.; CULLIS, B. R.; WELHAM, S. J.; THOMPSON, R. **ASReml Reference manual**. 2 Edition. Release 1.0. Biomathematics and Statistics Department – Rothamsted Research, Harpenden – England, 2002. 187 p.
- HALLAUER, A. R; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. 2nd ed. Iowa State Univ. Press, Ames, 1995. 468 p.
- HENDERSON, C. R. General flexibility of linear model techniques for sire evaluation. **Journal of Dairy Science**. v. 57, p. 963–972, 1974.
- HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v.31, n. 2, p.423-447, apr.-jun., 1975.
- HENDERSON, C. R.; QUAAS, R. L. Multiple trait evaluation using relatives records. **J. Anim. Sci.** v. 43, n. 6, p.1188-1197, 1976.
- IM, S.; FERNANDO, R. L.; GIANOLA, D. Likelihood inferences in animal breeding under selection: a missing-data theory view point. **Genet Sel Evol**. v. 21, p. 399–414, 1989.
- JAIN, A.; SADANA, D. K. Sire evaluation using animal model and conventional methods in Murrah buffaloes. **Asian Aust. J. Anim. Sci**. v. 13, p. 1196–1200, 2000.
- KADARMIDEEN, H. N.; THOMPSON, R.; COFFEY, M. P.; KOSSAIBATI, E. M. A. Genetic parameters and evaluations from single and multiple trait analysis of dairy cow fertility and milk production. **Livest. Prod. Sci.** v. 81, 183-195. 2003

- KERR, R. J. Asymptotic rates of response from forest tree breeding strategies using best linear unbiased prediction. **Theor Appl Genet.** v. 96, 484–493. 1998
- MRODE, R. A. **Linear models for the prediction of animal breeding values.** 2nd ed. 344p., 2005.
- PERSSON, T.; ANDERSSON, B. Accuracy of single- and multiple-trait REML evaluation of data including non-random missing records. **Silvae Genet.** v. 53, n, 3, p.135–139, 2004.
- PIEPHO, H. P.; MOHRING, J. Selection in cultivar trials - is it ignorable? **Crop Sci.** v. 46, p. 192–201, 2006.
- PIEPHO, H. P.; MOHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; BUCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica** v. 161, p. 209-228, 2007.
- POLLAK, E. J.; VAN DER WERF, J.; QUAAS, R. L. Selection bias and multiple trait evaluation. **J. Dairy Sci.**, v. 67, p. 1590-1595, 1984.
- RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes.** Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
- RESENDE, M. D. V. **Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético.** Colombo: Embrapa, 2007. 561 p.
- SCHAEFFER, L. R. Sire and cow evaluation under multiple traits model. **J. Dairy Sci**, v. 67, p. 1567-1580, 1984.
- SCHAEFFER, L. R. **Variance Components Estimation Methods.** Guelph, Canadá: University of Guelph, 1993.

THOMPSON, R.; MEYER, K. A review of theoretical aspects in the estimation of breeding values for multi-trait selection. **Livest Prod Sci**, v. 15, p. 299–313, 1986.

VAN VLECK, L. D.; POLLAK, E. J.; OLTENACU, E. A. B. **Genetics for the animal sciences**. W.H. Freeman, New York. 391p, 1987.

Tabela 1 – Estimativas de parâmetros associados à seleção entre famílias de meios-irmãos.

Parâmetros	Multicaracterística (2 Ciclos)		Unicaracterística (2 Ciclos)		Seleção Fenotípica (Média de Família)	
	CE (mL/g)	Produção (kg/ha)	CE (mL/g)	Produção (kg/ha)	CE (mL/g)	Produção (kg/ha)
Variância Aditiva	4,5800	400000	4,6650	402792	2,6875	281462,4000
Variância Residual	12,1400	545000	12,1194	543374	8,7860	187782
Herdabilidade	0,1586	0,2684	0,1613	0,2704	0,1326	0,4283
Acurácia	0,7067	0,7727	0,6455	0,7460	0,2826	0,4250
Eficiência de Seleção ¹	2,50	1,82	2,28	1,75	-	-
Eficiência de Seleção ²	1,10	1,04	-	-	-	-
Correlação Genética	-0,6080		-		-	
Correlação Residual	0,1563		-		-	
Correlação Fenotípica	0,1262		-		-	

¹Eficiência de seleção em relação à análise fenotípica (média de família);

²Eficiência de seleção em relação à análise BLUP unicaracterística.

Tabela 2 – Estimativas de parâmetros associados à seleção dentro de famílias de meios-irmãos.

Parâmetros	Multicaracterística (2 Ciclos)		Unicaracterística (2 Ciclos)		Seleção Fenotípica Individual (Massal)	
	CE (mL/g)	Produção (g/0,18m ²)	CE (mL/g)	Produção (g/0,18m ²)	CE (mL/g)	Produção (g/0,18m ²)
Variância Aditiva	12,6400	181,9000	12,6557	180,5810	8,2601	170,9940
Variância Residual	14,6300	668,2000	14,6236	669,9680	18,4236	246,0670
Herdabilidade	0,4635	0,2139	0,4639	0,2123	0,3095	0,4099
Acurácia	0,8726	0,7643	0,8726	0,7643	0,8027	0,6076
Eficiência de Seleção ¹	1,09	1,26	1,09	1,26	-	-
Eficiência de Seleção ²	1,00	1,00	-	-	-	-
Correlação Genética		0,1291		-		-
Correlação Residual		0,0431		-		-
Correlação Fenotípica		0,0686		-		-

¹Eficiência de seleção em relação à análise fenotípica individual (massal);

²Eficiência de seleção em relação à análise BLUP unicaracterística

ANEXOS

Anexo 1 - Saída dos componentes de variância do software ASREML para análise multicaracterística.

ASREML [15 May 2000] Fabio
02 Apr 2009 09:57:14.836 8.00 Mbyte MSWIN C:\Ano2009\Fabio\FabEFMI-BIV-P2C

```
*****
* ASREML 2000 Residuals now written to .yht file, *
* convergence monitoring of parameters to .res file *
***** ARG *****
Reading pedigree file PedigreeEFMI-2C.txt : skipping 1 lines
PEDIGREE [PedigreeEFMI-2C.txt] has 392 identities, 588 Non zero elements
QUALIFIERS: !SKIP 1 !MAXIT200
Reading SeleFMI-2C.txt FREE FORMAT skipping 1 lines
Bivariate analysis of CE and Prod
Using 784 records [of 784 read from 784 lines of SeleFMI-2C.txt]
Model term      Size Type    COL    Minimum    Mean    Maximum    #zero #miss
1 Fam           392 Direct    1     1.000    196.5    392.0        0      0
2 Rep            4 Factor    2         1    2.5000         4        0      0
3 Bloc          56 Factor    3         1   28.5000        56        0      0
4 CE             1 Variate    4    15.70    28.73    40.00        0      0
5 Prod           1 Variate    5   396.1    2806.    8301.        0      0
6 Trait          2 Traits/Variat
7 mu             2 Traits/Variat
8 Trait.mu       4 Interaction  6 Trait    :      2    7 mu      :      2
9 Trait.Rep      8 Interaction  6 Trait    :      2    2 Rep      :      4
10 Trait.Fam     784 Interaction  6 Trait    :      2    1 Fam      :    392
11 Trait.Bloc   112 Interaction  6 Trait    :      2    3 Bloc      :    56
784 identity
2 US=UnStr    14.00  50.00  557.00
1568 records assumed sorted 2 within 784
US structure MODIFIED - it was not positive definite
2 US=UnStr    0.50   4.95  50.00
392 Ainverse
Structure of Trait.Fam has 784 levels defined
US structure MODIFIED - it was not positive definite
2 US=UnStr    0.50   3.83  30.00
56 identity
Structure of Trait.Bloc has 112 levels defined
Forming 908 equations: 12 dense
Initial updates will be shrunk by factor 0.122
NOTICE: 4 (more) singularities,
LogL=-650105. S2= 1.0000 1560 df
LogL=-579672. S2= 1.0000 1560 df
LogL=-430590. S2= 1.0000 1560 df
LogL=-272283. S2= 1.0000 1560 df
LogL=-138567. S2= 1.0000 1560 df
LogL=-71841.6 S2= 1.0000 1560 df
LogL=-38613.0 S2= 1.0000 1560 df
LogL=-22132.2 S2= 1.0000 1560 df
LogL=-14023.9 S2= 1.0000 1560 df
LogL=-10101.8 S2= 1.0000 1560 df
LogL=-8262.00 S2= 1.0000 1560 df
LogL=-7455.52 S2= 1.0000 1560 df
LogL=-7146.88 S2= 1.0000 1560 df
LogL=-7057.59 S2= 1.0000 1560 df
LogL=-7042.88 S2= 1.0000 1560 df
LogL=-7042.02 S2= 1.0000 1560 df
LogL=-7042.01 S2= 1.0000 1560 df
Final parameter values
```

Source	Model	terms	Gamma	Component	Comp/SE	% C
Residual	US=UnStr	1	12.1355	12.1355	13.89	0 U
Residual	US=UnStr	1	401.834	401.834	3.07	0 U
Residual	US=UnStr	2	544971.	544971.	14.06	0 U
Trait.Fam	US=UnStr	1	1.14465	1.14465	1.65	0 U
Trait.Fam	US=UnStr	1	-205.709	-205.709	-1.92	0 U
Trait.Fam	US=UnStr	2	100022.	100022.	2.98	0 U
Trait.Bloc	US=UnStr	1	0.734935	0.734935	2.21	0 U
Trait.Bloc	US=UnStr	1	10.8428	10.8428	0.21	0 U
Trait.Bloc	US=UnStr	2	39004.6	39004.6	2.34	0 U

```

Covariance/Variance/Correlation Matrix US=UnStructu
12.14      0.1563
401.8      0.5450E+06
Covariance/Variance/Correlation Matrix US=UnStructu
1.145      -0.6080
-205.7      0.1000E+06
Covariance/Variance/Correlation Matrix US=UnStructu
0.7349      0.6404E-01
10.84      0.3900E+05

Analysis of Variance      DF      F-incr      F-adj      StndErrDiff
8 Trait.mu                2    14048.32    3656.31
9 Trait.Rep               6      77.24      77.24

Solution      Standard Error      T-value      T-prev
9 Trait.Rep
2    1.43469      0.478393      3.00
3    5.67585      0.495762     11.45      8.55
4    3.87653      0.495762      7.82     -3.76
6   -93.4418     105.499      -0.89
7  -1445.82     111.846     -12.93    -12.09
8  -1578.37     111.846     -14.11     -1.26
8 Trait.mu
9    26.0133      0.346828     75.00
12   3579.09      77.9393     45.92
10 Trait.Fam              784 effects fitted
11 Trait.Bloc             112 effects fitted
SLOPES FOR LOG(ABS(RES)) on LOG(PV) for Section  1
-2.11  1.26
6 possible outliers: see .res file
Finished: 02 Apr 2009 09:57:25.222  LogL Converged

```

Anexo 2 - Saída dos componentes de variância do software ASREML para análise unicaracterística da variável CE.

```

ASREML [15 May 2000] Fabio
02 Apr 2009 10:12:42.341 8.00 Mbyte MSWIN C:\Ano2009\Fabio\FabEFMI-UN-P2C-CE

*****
* ASREML 2000 Residuals now written to .yht file, *
* convergence monitoring of parameters to .res file *
***** ARG *
Reading pedigree file PedigreeEFMI-2C.txt : skipping 1 lines
PEDIGREE [PedigreeEFMI-2C.txt ] has 392 identities, 588 Non zero elements
QUALIFIERS: !SKIP 1 !MAXIT200
Reading SeleFMI-2C.txt FREE FORMAT skipping 1 lines
Univariate analysis of CE
Using 784 records [of 784 read from 784 lines of SeleFMI-2C.txt ]
Model term Size Type COL Minimum Mean Maximum #zero #miss
1 Fam 392 Direct 1 1.000 196.5 392.0 0 0
2 Rep 4 Factor 2 1 2.5000 4 0 0
3 Bloc 56 Factor 3 1 28.5000 56 0 0
4 CE 1 Variate 4 15.70 28.73 40.00 0 0
5 Prod 1 Covariat 5 396.1 2806. 8301. 0 0
6 mu 1 Constant Term
Forming 453 equations: 5 dense
Initial updates will be shrunk by factor 0.122
NOTICE: 1 (more) singularities,
LogL=-1421.91 S2= 11.902 780 df 0.1000 0.1000 1.000
LogL=-1421.72 S2= 11.925 780 df 0.1000 0.9356E-01 1.000
LogL=-1421.35 S2= 11.987 780 df 0.9991E-01 0.7859E-01 1.000
LogL=-1421.17 S2= 12.058 780 df 0.9919E-01 0.6542E-01 1.000
LogL=-1421.15 S2= 12.111 780 df 0.9748E-01 0.5865E-01 1.000
LogL=-1421.15 S2= 12.119 780 df 0.9646E-01 0.5889E-01 1.000
Final parameter values 0.96231E-01 0.58851E-01 1.0000

Source Model terms Gamma Component Comp/SE % C
Fam 392 392 0.962306E-01 1.16626 1.65 0 P
Bloc 56 56 0.588514E-01 0.713246 2.16 0 P
Variance 784 780 1.00000 12.1194 13.76 0 P

Analysis of Variance DF F-incr F-adj StndErrDiff
6 mu 1 22957.83 5697.23
2 Rep 3 49.71 49.71 0.4879

Solution Standard Error T-value T-prev
2 Rep
2 1.43469 0.474996 3.02
3 5.68189 0.494259 11.50 8.59
4 3.88257 0.494259 7.86 -3.79
6 mu
5 26.0133 0.344638 75.48
1 Fam 392 effects fitted
3 Bloc 56 effects fitted
Finished: 02 Apr 2009 10:20:08.266 LogL Converged

```

Anexo 3 - Saída dos valores genéticos preditos pelo software ASREML para análise multicaracterística.

Trait.Rep	1.0001	0.000	0.000
Trait.Rep	1.0002	1.435	0.4784
Trait.Rep	1.0003	5.676	0.4958
Trait.Rep	1.0004	3.877	0.4958
Trait.Rep	2.0001	0.000	0.000
Trait.Rep	2.0002	-93.44	105.5
Trait.Rep	2.0003	-1446.	111.8
Trait.Rep	2.0004	-1578.	111.8
Trait.mu	1.0001	26.01	0.3468
Trait.mu	1.0002	0.000	0.000
Trait.mu	2.0001	0.000	0.000
Trait.mu	2.0002	3579.	77.94
Trait.Fam	1.000000001	-0.2995E-01	0.7866
.			
.			
.			
Trait.Fam	1.000000392	-0.6330	0.8968
Trait.Fam	2.000000001	-86.76	210.8
.			
.			
.			
Trait.Fam	2.000000392	178.7	250.8
Trait.Bloc	1.0001	0.4764	0.6595
.			
.			
.			
Trait.Bloc	1.0056	0.7308E-01	0.6576
Trait.Bloc	2.0001	137.3	148.7
.			
.			
.			
Trait.Bloc	2.0056	84.63	147.9

Anexo 4 - Saída dos valores genéticos preditos pelo software ASREML para análise unicaracterística da variável CE.

Rep	1	0,000	0,000
Rep	2	1,435	0,4750
Rep	3	5,682	0,4943
Rep	4	3,883	0,4943
mu	1	26,01	0,3446
Fam	1	-0,2854	0,8568
.			
.			
.			
Fam	392	-0,4926	0,9588
Bloc	1	0,4271	0,6542
.			
.			
.			
Bloc	56	0,4599E-01	0,6521