

**RAMON VINÍCIUS DE ALMEIDA**

**SELEÇÃO GENÉTICA SIMULTÂNEA DE FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS E  
TOPCROSSES EM CULTURAS ANUAIS VIA BLUP MULTIVARIADO**

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

VIÇOSA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2010

RAMON VINÍCIUS DE ALMEIDA

**SELEÇÃO GENÉTICA SIMULTÂNEA DE FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS E  
TOPCROSSES EM CULTURAS ANUAIS VIA BLUP MULTIVARIADO**

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

APROVADA: 21 de outubro de 2010.

---

Prof. Marcos Deon Vilela Resende  
(Co-Orientador)

---

Prof. Fabyano Fonseca e Silva  
(Co-Orientador)

---

Prof. Cosme Damião Cruz

---

Prof. Nerilson Terra Santos

---

Prof. José Marcelo Soriano Viana  
(Orientador)

“A ciência sem a religião é coxa, a religião sem a ciência é cega.”

Albert Einstein

“Um pouco de ciência nos afasta de Deus. Muito, nos aproxima”

Louis Pasteur

“O que sabemos é uma gota; o que ignoramos é um oceano.”

Isaac Newton

“Se vós permanecerdes na minha palavra, sois verdadeiramente meus discípulos; e  
conhecereis a verdade e a verdade vos libertará”

Jesus Cristo

Aos meus pais Iracy e Cely

À minha irmã Isis

À minha noiva Daniella.

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus por conceder o dom da vida e inspirar-me em todos instantes.

À Universidade Federal de Viçosa, pela minha formação acadêmica.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, pelo suporte financeiro concedido.

Aos meus orientadores, Prof. José Marcelo Soriano Viana, Dr. Marcos Deon Vilela Resende e Fabyano Fonseca e Silva, pela orientação imprescindível na realização deste trabalho, e por todo o apoio e ensinamento que me passaram nestes últimos meses.

Aos professores e colegas do curso de pós-graduação em genética, pelos ensinamentos e companheirismo.

Aos meus amigos dos Centros Espíritas Camilo Chaves, em Viçosa, pela oportunidade de trabalho e estudo, em nome de Jesus Cristo.

À minha noiva, pela amizade, paciência, ternura e apoio nos instantes mais

graves.

À minha irmã Isis, por tantos anos de convivência feliz.

Aos meus pais, Iracy e Cely, pelo grande apoio e pelo incentivo na busca de conhecimento e sabedoria.

A todos que contribuíram de forma direta ou indireta para uma vitória na minha vida.

## **BIOGRAFIA**

RAMON VINÍCIUS DE ALMEIDA, filho de Iracy de Almeida e Cely Aparecida de Almeida, nasceu em 30 de dezembro de 1981, na cidade de Volta Redonda, Rio de Janeiro.

Morou até os dezenove anos nesta cidade, onde adquiriu o título de Técnico Metalúrgico pela Escola Técnica Padiá Calógeras em dezembro de 1999.

Em agosto de 2000, mudou-se para Lavras, Minas Gerais, onde formou-se Eng<sup>o</sup> Agrônomo pela Universidade Federal de Lavras em julho de 2005.

No outono de 2005, iniciou no programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento, em nível de mestrado, na Universidade Federal de Viçosa. cursou as disciplinas em um ano e em seguida desenvolveu a parte prática na Embrapa Milho e Sorgo.

Retornou, nos idos 2007, à Universidade Federal de Viçosa para concluir seus estudos em Genética e Melhoramento, almejando o título de doutor. Na primavera de 2009, assumiu o cargo de Professor de ensino básico, técnico e tecnológico no Instituto Federal do Triângulo Mineiro (IFTM) ministrando disciplinas de graduação como Genética básica, Melhoramento genético vegetal e Biotecnologia para nascente curso de Engenharia Agrônômica. Além de lecionar, estoicamente, disciplinas ao ensino técnico.

## SUMÁRIO

<b>RESUMO .....</b>	<b>viii</b>
<b>ABSTRACT .....</b>	<b>x</b>
<b>INTRODUÇÃO .....</b>	<b>1</b>
<b>MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>3</b>
<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>8</b>
<b>CONCLUSÕES .....</b>	<b>12</b>
<b>AGRADECIMENTOS.....</b>	<b>13</b>
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>13</b>
<b>ANEXOS .....</b>	<b>16</b>

## RESUMO

ALMEIDA, Ramon Vinícius de, D. Sc. Universidade Federal de Viçosa, outubro de 2010.  
**Seleção genética simultânea de famílias endogâmicas e topcrosses em culturas anuais via BLUP multivariado.** Orientador: José Marcelo Soriano Viana. Co-orientadores: Marcos Deon Vilela Resende e Fabyano Fonseca e Silva.

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 de famílias endogâmicas e topcrosses, em diferentes populações de milho pipoca, através da utilização do BLUP multivariado contemplando esses dois tipos de família, BLUP univariado e seleção fenotípica. Dados de capacidade de expansão e produção, oriundos de famílias  $S_3$  e seus respectivos topcrosses, em populações de milho-pipoca (Beija-Flor e Viçosa), foram analisados. Os testes de progênes foram avaliados em blocos incompletos nos diferentes ambientes. O método BLUP multivariado apresentou maior acurácia e eficiência de seleção quando comparado as outras metodologias. A eficiência de seleção

do BLUP multivariado foi dependente da diferença entre as correlações genéticas e ambientais das características. Os ganhos genéticos preditos são superiores quando se utiliza informações das famílias endogâmicas e topcrosses simultaneamente.

## ABSTRACT

ALMEIDA, Ramon Vinícius de, D. Sc. Universidade Federal de Viçosa, October, 2010.  
**Simultaneous genetic selection of endogamic and topcross families in annual crop using Blup multivariate.** Adviser: José Marcelo Soriano Viana. Co-Advisers: Marcos Deon Vilela Resende and Fabyano Fonseca e Silva.

The BLUP method, which is widely used in animal and forestry genetic evaluation can also be applied in the breeding of annual crops. The aim of this study was to compare the accuracy and efficiency of the selection of endogamic and topcross families in different populations of popcorn using the BLUP multivariate contemplating these two types of families, univariate BLUP and phenotypic selection. Data capacity expansion and production, from families and their  $S_3$  topcrosses in populations of popcorn (Beija-Flor and Viçosa), were analyzed. The progeny tests were evaluated in incomplete blocks in different environments. The multivariate BLUP method showed higher accuracy and efficiency of selection when compared to other methodologies. The efficiency of the multivariate BLUP selection was dependent on the difference between

genetic correlations and environmental characteristics. Predict Genetic gains are greater when using information from endogamic and topcross families simultaneously.

## Introdução

Um modelo misto é aquele que apresenta tanto fatores de efeitos fixos como aleatórios, além do erro experimental e da constante  $\mu$ . Dentre as vantagens em se utilizar este tipo de modelo linear destacam-se: (i) sua aplicação em experimentos desbalanceados nos dados devido a vários motivos como perdas de plantas e parcelas; desiguais quantidades de sementes disponíveis por tratamento; rede experimental com diferentes números de tratamentos, repetições e delineamentos experimentais; não avaliação de todas as combinações genótipo-ambiente; dentre outros e (ii) predição de efeitos aleatórios e estimação dos componentes de variância por diversos métodos (Henderson, 1953; Cunningham & Henderson, 1968; Thompson, 1969; Patersson & Thompson, 1971).

A estimação precisa de componentes de variância e a acurada seleção de genótipos durante o processo de melhoramento genético é de crucial importância para se obter variedades superiores. Dentro deste contexto, a metodologia BLUP tem se destacado por ser a que promove maior acurácia e maiores ganhos em curto prazo (Gibson & Jeyaruban, 1993).

De acordo com Thompson & Meyer (1986) e van der Werf et al. (1992), uma maneira de se aumentar a acurácia no processo de predição de valores genéticos para todas as características é a utilização de métodos multivariados, pois estes exploram completamente os dados e combinam informações diretas e indiretas de características correlacionadas. Estudos feitos através de simulação ressaltam a superioridade do BLUP multivariado sobre o BLUP univariado (Persson & Andersson, 2004; Bauer & Leon, 2008)

Considerando a teoria de índice de seleção no BLUP multivariado, Mrode (2005) verificou ser esta a melhor metodologia de se avaliar, simultaneamente, duas ou mais características correlacionadas, e propôs um índice de seleção envolvendo os valores preditos pelo BLUP ponderados pelo seu próprio valor econômico. Da mesma forma, Costa e Silva et al. (2000) após identificarem parentais favoráveis de *Picea abies* (L.) KARST pelo BLUP

univariado, procederam a análise BLUP multivariada afim de se construir índices para o melhoramento genético de várias características. Na seleção assistida por marcadores moleculares, Lahav et al. (2006) utilizaram um BLUP multivariado que permite a seleção para várias características levando em consideração seus valores econômicos. O índice econômico baseado no cálculo da predição do valor genético usando informação de marcadores de DNA apresentou alta correlação entre o desempenho da progênie e o desempenho predito.

Não obstante o estudo do BLUP multivariado ter se concentrado mais no melhoramento animal, e no melhoramento vegetal em espécies florestais e perenes, Viana et al. (2010b) destacam sua relevância também para espécies anuais. Os referidos autores estudaram a acurácia e a eficiência da seleção pelos métodos BLUP multivariado, BLUP univariado e seleção fenotípica empregando seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos de milho-pipoca e verificaram que o método BLUP multivariado apresentou maior acurácia e eficiência de seleção para a seleção entre famílias.

Constatando-se a superioridade do BLUP multivariado pode-se estender esta metodologia a uma forma de aplicação onde as variáveis estudadas não são apenas avaliadas nas mesmas plantas. A mesma variável avaliada em diferentes indivíduos também pode ser sujeita à predição multivariada.

Durante o processo de obtenção de híbridos é comum a utilização de testadores comuns a fim de auxiliar na identificação das melhores linhagens, uma vez que o sucesso do híbrido depende da melhor combinação entre os diferentes alelos das linhagens selecionadas. Uma forma de se potencializar a escolha adequada de genótipos na produção de híbridos seria a utilização de informações genéticas das famílias endogâmicas como uma característica auxiliar no processo seletivo de topcrosses. Isto pode ser alcançado aplicando-se a metodologia do BLUP multivariado através da utilização de um modelo no qual as variáveis são tratadas como diferentes tipos de famílias (endogâmicas e topcrosses).

Diante do exposto, os objetivos deste trabalho foram: (i) implementar a metodologia de BLUP multivariado utilizando informações de diferentes tipos de famílias ( $S_3$  e Topcrosses) e compará-lo com o BLUP univariado e um índice fenotípico; (ii) contribuir no estudo da aplicação da metodologia REML/BLUP no estudo de espécies anuais.

### **Material e Métodos**

Foram avaliadas duas populações (Beija-Flor e Viçosa) de milho-pipoca e dentro de cada uma avaliou-se suas respectivas famílias e topcrosses. Para avaliação do desempenho das famílias da população Beija-Flor do programa 1, foram conduzidos dois testes, com repetição apenas das testemunhas, no campo experimental do Setor de Genética da UFV, em Viçosa, MG. No ano agrícola 99/00 foram plantadas 201 famílias do programa 1. Cada parcela correspondeu a uma fileira de 5 m, com 25 plantas utilizando o espaçamento entre linhas de 0,9 m. Em cada fileira foram autofecundadas de três a cinco plantas com melhores caracteres agronômicos.

O teste das famílias provenientes do programa 2 da população Beija-Flor foi conduzido no ano agrícola 00/01. Cada parcela correspondeu a uma fileira de 5 m, com 30 plantas utilizando o espaçamento entre linhas de 0,9 m. Foram autofecundadas de três a cinco plantas superiores em cada família.

Para avaliação das famílias em cruzamento, foram utilizados dados provenientes de ensaios de 'topcross'. Com as progênies do programa 1, foram conduzidos quatro ensaios de 'topcrosses' no ano agrícola 00/01. Os híbridos foram obtidos na safra anterior, utilizando-se a população Viçosa como testador. Um ensaio de 'topcross' foi conduzido na Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (PESAGRO-RJ), em Campos dos Goytacazes. Outro ensaio foi conduzido na Central de Experimentação, Pesquisa e Extensão do Triângulo Mineiro (CEPET/UFV), em Capinópolis. Os outros dois ensaios de 'topcrosses'

foram conduzidos em campo experimental da Universidade Federal de Viçosa em Coimbra, MG. As parcelas corresponderam a fileiras de 5 m, espaçadas por 0,9 m, com 30 plantas.

Os ensaios de ‘topcross’ das progênes do programa 2 foram conduzidos no ano agrícola 01/02, um na Universidade Estadual de Maringá (UEM), no Paraná, e outro na CEPET. Os híbridos do programa 2 também são provenientes do cruzamento com Viçosa. As parcelas foram fileiras de 5 m, espaçadas por 0,9 m, com 30 plantas.

O teste de famílias endogâmicas da população Viçosa foi delineado em blocos incompletos, proposto por Federer (1955). Cada parcela correspondeu a uma fileira de 5 m, espaçadas por 0,9 m, com 30 plantas. Procurou-se autofecundar pelo menos cinco plantas superiores em desenvolvimento vegetativo dentro de cada progênie. O teste de famílias foi avaliado em Viçosa, Minas Gerais, na safra 2002/2003.

Foram avaliados 135 híbridos ‘topcross’ em Capinópolis-MG, na Central de Experimentação, Pesquisa e Extensão do Triângulo Mineiro (CEPET), na safra 2003/2004. Beija-Flor ciclo 1 foi o testador comum. Cada parcela correspondeu a uma fileira de 5 m, espaçadas por 0,9 m, com 30 plantas.

Os caracteres avaliados por parcela em todos os experimentos foram: estande final, produção de grãos ( $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ), umidade dos grãos (%) e capacidade de expansão, cujos valores médios foram obtidos utilizando pipoqueira de ar quente e a pipoqueira Metric Weight Volume Tester (MWVT). Excetuando a avaliação de capacidade de expansão na MWVT, as correções de estande, umidade e mensuração de capacidade de expansão em pipoqueira de ar quente, seguem a mesma metodologia da empregada para os programas 1 e 2 de Beija-Flor. A capacidade de expansão mensurada na MWVT foi obtida a partir de amostras de 250 g.

A análise BLUP multivariado segue conforme modelo abaixo. O modelo da análise multi foi o mesmo da univariado, com exceção da interação genótipo x ambiente presente neste último. Em cada família endogâmica e em seus respectivos topcrosses foram

mensuradas as duas características (capacidade de expansão – CE e produção), e  $y_k$  é o vetor de valores fenotípicos em relação às famílias endogâmicas e aos topcrosses, e assumindo efeito de bloco dentro de repetição dentro de ambiente, o modelo foi:

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

onde  $x' = [x'_1 \dots x'_t]$ ,  $X$  é a matriz de incidência dos efeitos fixos,  $\beta$  é o vetor de efeitos fixos  $\beta' = [M_1 \dots M_t]$ , onde  $M_k$  é a média da população nas famílias endogâmicas e nos topcrosses,  $Z_1, Z_2$  são matrizes de incidência efeitos aleatórios,  $u_1$  é o vetor de efeitos de bloco dentro de repetição dentro de ambiente ( $u'_1 = [(b/r/a)_{1_1} \dots (b/r/a)_{b_1} \dots (b/r/a)_{1_t} \dots (b/r/a)_{b_t}]$ ),  $u_2$  é o vetor de valores genéticos aditivos de pais comuns das famílias divididas por 2 ( $u'_2 = [(1/2)A_{1_1} \dots (1/2)A_{f_1} \dots (1/2)A_{1_t} \dots (1/2)A_{f_t}]$ ) e  $\varepsilon$  é o vetor de resíduos ( $\varepsilon' = [\varepsilon'_1 \varepsilon'_2 \dots \varepsilon'_t]$ ). Dentro de cada caráter, capacidade de expansão (CE) e produção, as famílias endogâmicas e topcrosses foram as características avaliadas em conjunto. Obtendo-se desta forma os valores genéticos intrapopulacional (famílias endogâmicas) e interpopulacional (topcrosses). Os dados provenientes das famílias endogâmicas foram considerados como auxiliares na seleção dos melhores topcrosses.

O critério usado para obter o melhor preditor linear não viesado dos vetores aleatórios é a maximização da função densidade de probabilidade conjunta de  $y$  e dos vetores aleatórios, obtendo, sob normalidade, as equações de modelos mistos (Henderson, 1974). Alternativamente, os preditores podem ser obtidos pela maximização da função de probabilidade conjunta dos vetores aleatórios. Considerando o modelo  $y = X\beta + Z_1u_1 + Z_2u_2 + \varepsilon$ , e assumindo independência entre tais efeitos, temos:

$$f(u_1, u_2, \varepsilon) = \frac{1}{(2\pi)^{t(b+f+n)/2} \begin{bmatrix} G_1 & \Phi & \Phi \\ \Phi & G_2 & \Phi \\ \Phi & \Phi & R \end{bmatrix}^{1/2}} \cdot \exp \left\{ -\frac{1}{2} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ y - X\beta - Z_1u_1 - Z_2u_2 \end{bmatrix}' \begin{bmatrix} G_1^{-1} & \Phi & \Phi \\ \Phi & G_2^{-1} & \Phi \\ \Phi & \Phi & R^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ y - X\beta - Z_1u_1 - Z_2u_2 \end{bmatrix} \right\}$$

A maximização da  $f(y, u_1, u_2)$  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 esta equação em função de  $\beta$ ,  $u_1$  e  $u_2$ , e igualando as derivadas a zero, tem-se

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

onde

$R = \text{Cov}(E)_{(t)} \otimes I_{(n)}$ , e  $\text{Cov}(E)_{(t)}$  é a matriz de covariância residual relativa a  $t$  características;

$G_1 = \text{Cov}(B/R/A)_{(t)} \otimes I_{(b)}$ , e  $\text{Cov}(B/R/A)_{(t)}$  é a matriz de covariância de bloco dentro de repetição dentro de ambiente, relativo as  $t$  características; e

$G_2 = (1/4) \cdot \text{Cov}(A)_{(t)} \otimes A_{(f)}$ , e  $\text{Cov}(A)_{(t)}$  é a matriz de variância genética aditiva relativa as  $t$  características, e  $A_{(f)}$  é a matriz de parentesco genética aditiva.

A acurácia da análise BLUP multivariado foi:

$$r_{A\tilde{A}} = \sqrt{1 - \left( \frac{\text{PEV}}{(1/4)\tilde{\sigma}_A^2} \right)}$$

onde PEV é a variância da predição do erro e  $\tilde{\sigma}_A^2$  é a estimativa de máxima verossimilhança residual da variância genética aditiva (Mrode, 2005).

A acurácia do índice fenotípico foi determinada através da multiplicação da acurácia do BLUP multivariado pela coincidência entre as famílias selecionadas pelo BLUP multivariado e o índice fenotípico. As eficiências foram obtidas a partir da razão das acurácias do BLUP univariado pelo índice fenotípico; e a acurácia do BLUP multivariado pelo índice fenotípico. As análises do BLUP univariado e multivariado foram realizadas no software SAS (SAS Institute Inc., 2001) e ASREML (Gilmour et al., 2006) respectivamente.

Os ganhos genéticos diretos foram obtidos a partir do controle parental (p) e os valores aditivos preditos ( $\hat{\mu}_{2i}$ ):

$$\Delta M = p \left( \frac{1}{n_s} \sum_i k \tilde{\mu}_{2i} \right)$$

onde  $n_s$  é o número de famílias selecionadas (20);  $p = 1$ ; e  $k=1$ , pois a seleção foi realizada no bloco de recombinação.

O índice de seleção fenotípico foi obtido segundo Resende (2002):

$$I = b_1 X_T + b_2 X_F$$

onde  $b_i$  refere-se aos pesos dos valores fenotípicos e  $X_T$  e  $X_F$  referem-se aos valores fenotípicos associados aos materiais topcrosses e família endogâmica, respectivamente. Como o alvo é a seleção dos melhores topcrosses e as informações das famílias endogâmicas são auxiliares, atribuiu-se 1 a  $b_1$ , e  $b_2$  foi obtido por:

$$b_2 = \frac{\sigma_T}{\sigma_F} \frac{r_G h_F - r_G h_F h_T^2}{h_T - r_G^2 h_F^2 h_T}$$

em que

$h_F^2$  e  $h_T^2$  : herdabilidades das famílias endogâmicas e dos topcrosses, respectivamente;

$r_G$  é a correlação genética entre famílias endogâmicas e topcrosses.

$\sigma_F$  e  $\sigma_T$  : desvio-padrão fenotípico das famílias endogâmicas e dos topcrosses, respectivamente.

A eficiência de seleção indireta foi estimada para saber se é mais vantajoso realizar seleção na família ou no topcross, conforme Resende (2007):

$$E_f = \frac{r_G h_F k_F t_T}{h_T k_T t_F}$$

sendo

$k_F$  e  $k_T$ : diferenciais de seleção associados às seleção de famílias e topcrosses, respectivamente, sendo a razão entre ambos igual a 1.

$t_F$  e  $t_T$ : intervalos de geração para a seleção de famílias e topcrosses, respectivamente, sendo ambos igual a 1.

### **Resultados e Discussão**

As estimativas de parâmetros genéticos e outros resultados referentes à análise REML/BLUP univariado e ao índice fenotípico das variáveis CE e produção, nas diferentes populações, são apresentados na Tabela 1. As estimativas da variância genética aditiva interpopulacional (topcrosses), intrapopulacional (famílias endogâmicas) e variância residual foram maiores em Beija-Flor programa 1 para CE e produção. Observou-se maior acurácia, para CE, em Beija-Flor programa 1. Já para produção, a maior acurácia, interpopulacional, foi em Beija Flor programa 1. A maior acurácia, intrapopulacional, em produção, foi em Beija-Flor programa 2. Observa-se que alguns valores de acurácia não foram estimados devido às baixas magnitudes de variância genética aditiva e elevada variância residual. Observou-se ganhos diretos superiores nas famílias nas populações oriundas de Beija-Flor, e, o contrário, em Viçosa. A eficiência, em termos médios, do BLUP univariado foi 161% superior em relação ao fenótipo.

As estimativas de parâmetros genéticos e outros resultados referentes à análise REML/BLUP multivariado e ao índice fenotípico das variáveis CE e produção são

apresentados na Tabela 2. As estimativas das variâncias genéticas aditivas e as variâncias residuais foram maiores para a população Beija-Flor programa 1. Observou-se maior herdabilidade para CE do que para produção. O BLUP multivariado apresentou acurácia superior quando comparado ao índice fenotípico. Nas populações oriundas de Beija Flor, observou-se que as acurácias dos topcrosses foram superiores aos das famílias, sendo o contrário observado em Viçosa. Os valores de acurácia foram menores para a característica produção quando comparados com CE. O BLUP multivariado foi mais eficiente em todos os casos. Independente da população considerada, maior acurácia e maior eficiência de seleção foram obtidas para CE. A correlação genética entre as famílias endogâmicas e os topcrosses apresentou valores mais elevados para CE do que para produção. Os ganhos genéticos foram superiores, em todas as populações, quando se utilizou o BLUP multivariado.

Os resultados obtidos no presente estudo estão consoantes aos encontrados na literatura, sobre a superioridade do BLUP univariado em relação às avaliações fenotípicas (Gibson & Jeyaruban, 1993; Cunha et al., 2004; Oliveira et al., 2005; e Viana et al., 2010a). Viana et al. (2010a) utilizaram o modelo genitor na cultura de milho pipoca, para as características CE e produção, em lote de recombinação de dois a três ciclos de seleção em progênies de famílias de meio irmãos e irmãos completos, oriundos da população Viçosa, concluiu que a análise BLUP foi mais eficiente que a seleção massal.

A magnitude da acurácia do BLUP multivariado foi muito superior ao índice de seleção fenotípico. Em condição de dados balanceados as duas análises tendem a produzir resultados semelhantes (em ordenamento), no entanto o experimento analisado apresentava condição de desbalanceamento de dados. O índice genotípico (BLUP multivariado) produziu valores mais acurados, uma vez que trabalha diretamente com os valores genéticos preditos. O índice fenotípico, por outro lado sofre maiores prejuízos na estimação com as variações do ambiente, uma vez que o fenótipo é resultado da soma dos efeitos genéticos com os efeitos

ambientais (desconsiderando a interação com o ambiente). Essa superioridade pode ser melhor visualizada através da eficiência. No programa 2 da população Beija-Flor chegou a ser 286% maior em relação ao índice fenotípico, concordando com seu menor valor de acurácia fenotípica. Alguns trabalhos já demonstraram a superioridade do BLUP multivariado em relação às avaliações fenotípicas (Viana et al., 2010a; 2010b). Viana et al. (2010b) compararam a acurácia e a eficiência entre as metodologias BLUP, além da seleção fenotípica em dois ciclos de seleção recorrente de milho-pipoca, praticando seleção dentro e entre famílias de meios irmãos. Verificaram que entre famílias, o BLUP multivariado foi mais eficiente que as outras metodologias. Contudo, dentro de famílias as metodologias BLUP foram equivalentes, mas superiores a seleção fenotípica.

A superioridade do BLUP multivariado quanto à univariado é marcante não somente nos resultados deste trabalho, mas como em outros. A elevada acurácia e eficiência do BLUP multivariado foi relatada por Kerr et al. (1998) na seleção de cultivares de polinização aberta e controlada no melhoramento florestal, e também em Da Costa et al. (2002) no melhoramento de seringueira (*Hevea brasiliensis*). Neste trabalho os autores objetivaram a seleção de famílias de meios irmãos em diferentes ambientes utilizando a metodologia BLUP. Concluíram que os ganhos genéticos do BLUP multivariado foi entre 5% a 21% superior ao univariado, refletindo a grande eficácia e flexibilidade do método para predizer os valores genéticos aditivos e ganhos na presença da interação genótipo x ambiente. Kadarmideen et al. (2003), compararam a acurácia da predição dos valores genéticos da avaliação univariado para fertilidade com a acurácia da avaliação multivariado das características fertilidade e produção de leite em gado leiteiro. Os valores genéticos preditos e o ranqueamento dos animais foram significativamente diferentes entre as duas análises. A análise multivariado melhorou a acurácia dos valores genéticos preditos para cada característica envolvida, por meio da redução da variância do erro de predição. A avaliação multivariado das

características fertilidade e produção foi recomendada pelos autores, sendo esta análise eficiente principalmente para características que apresentem correlação genética desfavorável. Outra vantagem da utilização da análise multivariado 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.

Alguns aspectos devem ser considerados na comparação entre os resultados obtidos quanto à superioridade da eficiência do BLUP multivariado em relação ao BLUP univariado. É sabido que em programas de melhoramento indivíduos superiores são normalmente selecionados baseados em características que podem ser correlacionadas, devido ao pleiotropismo, desequilíbrio de fase gamética e a influência do ambiente. Para se esquivar a estes problemas Henderson & Quaas (1976) propuseram o BLUP multivariado. No entanto, dois fatores devem ser destacados por serem fontes conhecidas de diferenças entre as eficiências destas duas análises. O primeiro diz respeito ao modelo. Apesar do modelo BLUP multivariado não contemplar a interação genótipos x ambientes, para facilitar a convergência computacional, ainda assim, obteve-se acurácia superior ao univariado. Esta superioridade fica patente em Viçosa chegando a ser de 160%. Uma justificativa seria a não significância das fontes de variações do modelo univariado. Chen et al. (2002) estudaram parâmetros genéticos em raças de suínos e verificaram que apesar de se retirar do modelo (BLUP multivariado) o efeito materno, concluíram que as estimativas das correlações foram confiáveis devido a pouca importância relativa do efeito materno. O segundo diz respeito à diferença entre a correlação genética e a ambiental entre famílias endogâmicas e topcrosses. Segundo Falconer (1981) a correlação ambiental expressa como as características são influenciadas pelas mesmas diferenças de condições de ambiente. Em nosso estudo, as

famílias endogâmicas e topcrosses foram avaliadas em ambientes diferentes, portanto a covariância ambiental é zero, e como consequência a sua correlação ambiental também. De acordo com Schaeffer (1984) e Thompson & Meyer (1986), o aumento na acurácia obtida pelo uso do BLUP multivariado é proporcional a diferença absoluta entre as correlações genética (0.83 – 0.42) e ambiental (zero). Quando a herdabilidade das características são iguais, a eficiência seleção do BLUP multivariado, comparado ao univariado, depende somente da diferença absoluta entre as correlações genéticas e ambientais das variáveis analisadas (Resende, 2007). Resultados semelhantes foram obtidos por Viana et al. (2010b), Bauer & Léon (2008); e Persson & Andersson (2004). Neste último estudo, os autores usaram simulações de Monte Carlo para comparar a predição de valores genéticos aditivos via BLUP multi e univariado, considerando diferentes valores de correlações genética e ambiental e herdabilidades. Observaram que as predições do BLUP multivariado resultaram em menores estimativas de viés, logo, mais acurado.

### **Conclusões**

1. O modelo REML/BLUP multivariado mostrou-se mais acurado e eficiente do que o univariado e o índice fenotípico.
2. Os ganhos genéticos preditos são superiores quando se utiliza simultaneamente informações das famílias endogâmicas e topcrosses.
3. A metodologia REML/BLUP é uma ferramenta útil para a estimação dos valores genéticos aditivos das famílias e orientação dos cruzamentos obtendo-se progênes híbridas superiores.

### **Agradecimentos**

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo suporte financeiro.

## Referências

- BAUER, A. M.; J. LÉON. Multiple-trait breeding values for parental selection in self-pollinating crops. **Theoretical and Applied Genetics**, 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 Genetica**, v.49, p.102-109, 2000.
- CHEN, P.; BAAS, T. J.; MABRY, J. W.; DEKKERS, J. C. M.; KOEHLER, K. J. Genetic parameters and trends for lean growth rate and its components in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. **Journal of Animal Science**, v.80, p.2062-2070, 2002.
- CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A.; LOPES, P.S.; RIBEIRO JÚNIOR, J.I.; CARNEIRO, P.C.S. Efeitos da seleção individual e da seleção baseada no BLUP em populações diferentes, quanto ao tipo de acasalamento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.56, p.94-106, 2004.
- CUNNINGHAM, E.P. ; HENDERSON, C.R. an iterative procedure for estimating fixed effects and variance components in mixed model situations. **Biometrics**, v.24, p.13-25, 1968.
- 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, p.131-140, 2002.
- FALCONER, D. S. **Introduction to Quantitative Genetics**. Longmans Green, London/New York. 1981. 279p.
- FEDERER, W. T. **Experimental design – Theory and application**. New York: [s.n.]. 1955. 544p.
- GIBSON, J.P.; JEYARUBAN, J.G. The effects of BLUP evaluations, population size and restrictions on selection of close relatives on response and inbreeding in egg-laying poultry, **National poultry Breeders Roundable Proceeding**, Saint Louis, May 6-7, Missouri. 1993.
- GILMOUR, A. R.; GOGEL, B. J.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. **ASReml User Guide Release 2.0**. VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP1 1ES, UK. 2006. 342p.
- HENDERSON, C.R. Estimation of variance and covariance components, **Biometrics**, v.17, p.226-52, 1953.
- 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.; QUAAS, R. L. Multiple trait evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**, v.43, p.1188-1197, 1976.

KADARMIDEEN, H. N.; THOMPSON, R.; COFFEYC, M. P.; KOSSAIBATI, M. A. Genetic parameters and evaluations from single and multiple trait analysis of dairy cow fertility and milk production. **Livestock Production Science**, v.81, p.183-195, 2003.

KERR, R. J. Asymptotic rates of response from forest tree breeding strategies using best linear unbiased prediction. **Theoretical and Applied Genetics**, v.96, p.484-493, 1998.

LAHAV, T.; ATZMON, G.; BLUM, S.; BEN-ARI, G.; WEIGEND, S.; CAHANER, A.; LAVI, U.; HILLEL, J. Marker-assisted selection based on a multi-trait economic index in chicken: experimental results and simulation. **Animal Genetics**, v.37, p.482-488, 2006.

MRODE, R. A. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. CABI Publishing, Oxfordshire. 2005. 324p.

OLIVEIRA, C. G.; CARNEIRO, P. L. S.; CUNHA, E. E.; EUCLYDES, R. F. Comparação de Metodologias de seleção em populações de aves de corte, utilizando simulação. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.40, p.969-974, 2005.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p.545-54, 1971.

PERSSON, T.; ANDERSSON, B. Accuracy of single and multiple-trait REML evaluation of data including non-random missing records. **Silvae Genetica**, v.53, p.135-139, 2004.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa, Brasília, 2002.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético**. Embrapa, Colombo. 2007.

SAS Institute. **SAS OnlineDoc, version 8.2**. Cary, NC: SAS Institute, Inc, 2001. 1004p.

SCHAEFFER, L. R. Sire and cow evaluation under multiple traits model. **Journal of Dairy Science**, v.67, p.1567-1580, 1984.

THOMPSON, R. Iterative estimation of variance components for non-orthogonal data. **Biometrics**, v.26, p.767-73, 1969.

THOMPSON, R.; MEYER, K. A review of theoretical aspects in the estimation of breeding values for multitrait selection. **Livestock Production Science**, v.15, p.299-313, 1986.

VAN DER WERF, J.H.J.; VAN ARENDONK, J.A.M.; DE VRIES, A.G. Improving selection of pigs using correlated characters. In: PROCEEDINGS OF THE 43RD EAAP ANNUAL MEETING, Madrid, Spain, 1992. p.13.

VIANA, J. M. S.; ALMEIDA, I. F.; RESENDE, M. D. V.; FARIA, V. R.; FONSECA E SILVA, F. BLUP for genetic evaluation of plants in non-inbred families of annual crops. **Euphytica**, v.174, p.31-39, 2010a.

VIANA, J. M. S.; SOBREIRA, F. M.; RESENDE, M. D. V.; FARIA, V. R. Multi-trait BLUP in half-sib selection of annual crops. **Plant Breeding**, v.online, p.1. 2010b. Acesso em: 10/02/2010.

**Tabela 1** – Estimativas dos parâmetros genéticos e não genéticos, das características capacidade de expansão (CE) e produção, via BLUP/REML univariado.

Parâmetros	Beija-Flor						Viçosa					
	Programa 1				Programa 2				CE		Produção	
	CE (mL.g <sup>-1</sup> )		Produção (Kg.ha <sup>-1</sup> )		CE (mL.g <sup>-1</sup> )		Produção (Kg.ha <sup>-1</sup> )		CE (mL.g <sup>-1</sup> )		Produção (Kg.ha <sup>-1</sup> )	
	Topcross	Família S <sub>3</sub>	Topcross	Família S <sub>3</sub>	Topcross	Família S <sub>3</sub>	Topcross	Família S <sub>3</sub>	Topcross	Família S <sub>3</sub>	Topcross	Família S <sub>3</sub>
Variância aditiva	10,80*	4,84*	99416,01*	44508,57 <sup>ns</sup>	3,41*	3,26*	49060,0*	25738,29**	1,19*	0,08 <sup>ns</sup>	90336,02*	0,00 <sup>ns</sup>
Variância residual	9,68	27,38	515402,00	484777,00	7,01	10,47	347386,00	45734,00	4,85	13,87	368728,12	464261,00
Trat x Amb	3,20**	-	29930,06*	-	2,70**	-	62089,05**	-	-	-	-	-
Variância de bloco	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	21226,06*	-
Herdabilidade	0,53	0,15	0,16	0,08	0,33	0,24	0,12	0,36	0,20	0,01	0,20	0,00
Acurácia (BLUP)	0,82	-	0,59	-	0,47	0,42	-	0,41	0,49	-	0,35	-
Ganho direto	1,68	3,41	208,75	302,68	0,88	2,95	124,21	182,01	0,58	0,18	161,36	51,71
Coincidência	0,50		0,60		0,70		0,60		0,60		0,70	
Acurácia (IF)	0,41	-	0,36	-	0,33	0,29	-	0,25	0,29	-	0,24	-
Eficiência (BLUP x IF)	2,00		1,67		1,43		1,43		1,67		1,43	

\* – significativo a 5% de probabilidade;

\*\* – significativo a 1% de probabilidade;

IF – Índice fenótipo;

As estimativas em hífen são devido à falta de convergência na análise.

**Tabela 2** – Estimativas dos parâmetros genéticos e não genéticos, das características capacidade de expansão (CE) e produção, via BLUP/REML multivariado.

Parâmetros	Beija-Flor								Viçosa			
	Programa 1				Programa 2				CE		Produção	
	CE		Produção		CE		Produção		CE		Produção	
	(mL.g <sup>-1</sup> )		(Kg.ha <sup>-1</sup> )		(mL.g <sup>-1</sup> )		(Kg.ha <sup>-1</sup> )		(mL.g <sup>-1</sup> )		(Kg.ha <sup>-1</sup> )	
Família		Família		Família		Família		Família		Família		
Topcross	S <sub>3</sub>	Topcross	S <sub>3</sub>	Topcross	S <sub>3</sub>	Topcross	S <sub>3</sub>	Topcross	S <sub>3</sub>	Topcross	S <sub>3</sub>	
Variância aditiva	36,45**	19,81**	150886,04*	58429,71*	22,32**	7,31*	99451,20*	23018,69*	1,76*	3,30*	103722,8*	71913,7*
Variância residual	10,87	12,41	565921,00	482489,00	9,21	9,36	545302,00	155656,0	5,32	6,87	349759,00	417635,0
Variância de bloco	28,14	1,64	336875,00	17714,60	0,44	0,63	8574,53	0,00	0,00	0,88	30443,50	13283,40
Herdabilidade	0,77	0,61	0,21	0,11	0,71	0,44	0,15	0,13	0,25	0,32	0,23	0,15
Acurácia (BLUP multi)	0,95	0,90	0,76	0,44	0,75	0,66	0,56	0,50	0,68	0,80	0,56	0,64
Ganho direto	1,84	4,88	275,78	386,50	1,98	3,17	155,49	305,58	0,60	2,82	173,40	299,14
Correlação genética	0,83		0,53		0,74		0,42		0,79		0,50	
Eficiência indireta	0,74		0,38		0,58		0,39		0,90		0,40	
Correlação fenotípica	0,77		0,54		0,24		0,66		0,88		0,83	
Coincidência (BLUP x IF)	0,60		0,55		0,35		0,60		0,65		0,70	
Acurácia (IF)	0,57	0,54	0,42	0,24	0,26	0,23	0,34	0,30	0,44	0,52	0,39	0,45
Eficiência (BLUP x IF)	1,67	1,67	1,82	1,82	2,86	2,86	1,67	1,67	1,54	1,54	1,43	1,43
Eficiência (Multi x Uni)	1,16	-	1,28	-	1,59	1,57	-	1,22	1,40	-	1,60	-

\* – significativo a 5% de probabilidade;

\*\* – significativo a 1% de probabilidade;

IF – Índice fenótipo; Multi – Multivariado; Uni – Univariado;