

MÁGNO SÁVIO FERREIRA VALENTE

**EMPREGO DO BLUP/REML NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE
LINHAGENS ELITES DE MILHO-PIPOCA**

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
2010

MÁGNO SÁVIO FERREIRA VALENTE

**EMPREGO DO BLUP/REML NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE
LINHAGENS ELITES DE MILHO-PIPOCA**

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: 24 de fevereiro de 2010

Prof. Cosme Damiano Cruz

Prof. Fabyano Fonseca e Silva
(Co-orientador)

Prof. Carlos Sigueyuki Sedyama

Prof. Marcos Ribeiro Furtado

Prof. José Marcelo Soriano Viana
(Orientador)

A DEUS

Aos meus pais Geraldo e Dalva.

Ao meu irmão Halan.

À minha esposa Ana Paula e à minha filha Manuela.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pelas oportunidades recebidas e pela linda família que tenho.

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

Ao CNPq, pelo auxílio financeiro.

Ao meu orientador, professor José Marcelo Soriano Viana, pela orientação, pela confiança e pela amizade.

Aos professores Marcos Deon Vilela de Resende e Fabyano Fonseca e Silva pelas valiosas sugestões, pela atenção e pelo apoio.

Aos meus pais, por serem um exemplo de vida e terem dedicado parte de suas vidas a mim e ao meu irmão.

Ao meu irmão Halan, pelo apoio e pela amizade.

À Ana Paula, pelo companheirismo e pelos cuidados comigo e com nossa filha Manuela.

Ao amigo Vinícius, pela amizade e pela colaboração.

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

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

Aos amigos de repúblicas, de graduação e pós-graduação, pela excelente convivência durante estes longos anos.

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

BIOGRAFIA

MÁGNO SÁVIO FERREIRA VALENTE, filho de Geraldo Gandra Valente e Dalva Lúcia Ferreira A. Valente, nasceu na cidade de Viçosa - MG, em 10 de junho de 1983.

Concluiu o segundo grau na Escola Estadual Professor Samuel João de Deus, Paula Cândido – MG, em dezembro de 2001.

Em março de 2003, iniciou o curso de Agronomia na Universidade Federal de Viçosa, obtendo o diploma de Engenheiro Agrônomo em janeiro de 2008.

Em março de 2008 iniciou o Programa de Mestrado em Genética e Melhoramento, pela mesma instituição, com ênfase em Genética Quantitativa e Melhoramento de Milho-Pipoca, submetendo-se à defesa de tese em fevereiro de 2010.

SUMÁRIO

RESUMO	vi
ABSTRACT	viii
1 - INTRODUÇÃO	1
2 - MATERIAL E MÉTODOS	3
2.1- Dados experimentais	3
2.2- Metodologia	4
2.3. Predição do desempenho de híbridos não realizados	7
3 - RESULTADOS E DISCUSSÃO	8
3.1. Análise combinatória	8
3.2. Avaliação <i>per se</i> das linhagens S_6	19
3.3. Associações entre o desempenho <i>per se</i> e em cruzamento de linhagens S_3 com o desempenho de linhagens S_6	21
3.4. Predição do desempenho de híbridos não realizados	22
4 - REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	25
ANEXOS	29

RESUMO

VALENTE, Mágnio Sávio Ferreira, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2010. **Emprego do BLUP/REML na avaliação genética de linhagens elites de milho-pipoca.** Orientador: José Marcelo Soriano Viana. Co-orientadores: Marcos Deon Vilela de Resende e Fabyano Fonseca e Silva.

Em programas de melhoramento é importante o uso de alternativas viáveis para redução de custos e tempo nas avaliações de populações, aliadas ao uso de metodologias estatísticas adequadas, que aproveitem ao máximo as informações disponíveis. Neste contexto, o presente trabalho teve como objetivos: i) estudar o controle genético da capacidade de expansão e produção de grãos em milho-pipoca; ii) prever os efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC) por meio da análise de modelos mistos; iii) avaliar o desempenho *per se* das linhagens utilizadas nos cruzamentos híbridos; iv) avaliar a eficiência do BLUP na predição do desempenho de híbridos não realizados na análise dialélica. Nas análises, foram utilizados dados de experimentos de avaliação de dialelos intrapopulacionais das populações de milho-pipoca Beija-Flor e Viçosa. Foram analisadas 18 linhagens elites S₆ de Beija-Flor, em 10 ambientes, e 29 linhagens elites S₆ de Viçosa, em 8 ambientes. Foram realizadas análises conjuntas, considerando todos os ambientes, sendo adotado o modelo aditivo-dominante. Em todas as análises foi utilizado o software ASREML. Foi verificada variabilidade para CGC tanto para produção como para capacidade de expansão. Para CEC houve variabilidade significativa em Beija-Flor para as duas variáveis. Em Viçosa, a CEC foi significativa a 8% para produção de grãos, enquanto para capacidade de expansão foi verificada praticamente a presença de efeitos aditivos na sua expressão. Por meio da incorporação de informações de parentesco na análise dialélica, valores de capacidade específica de combinação de uma linhagem com ela mesma (s_{ij}) foram preditos, sem que este cruzamento tenha sido realizado. Com o uso do BLUP/REML foi possível prever de 43% a 210% a mais de combinações híbridas, se comparada somente aos híbridos observados. A partir das predições dos híbridos, cruzamentos promissores foram identificados tanto para produção de grãos como para capacidade de expansão, sendo que a inclusão do pedigree parece deixar as análises mais acuradas, em comparação ao modelo sem uso destas informações. O desempenho *per se* e em cruzamento de famílias S₆ evidenciaram correlações moderadas ($r=0,53$) para capacidade de expansão, mostrando ser possível selecionar famílias com alta CGC em capacidade de expansão a partir do desempenho *per se* de suas famílias. Visando

obter informações sobre a eficiência da predição de famílias S_6 a partir do desempenho *per se* e em cruzamento de famílias S_3 , foi encontrada correlação positiva ($r=0,76$) para produção, entre a CGC dos híbridos topcross de famílias S_3 e híbridos de famílias S_6 . Ao verificar a eficiência do BLUP na predição de híbridos não realizados, foram encontradas correlações de Pearson e Spearman de moderada a elevadas, entre os valores preditos e observados. A predição de híbridos não realizados na ausência de dominância (capacidade de expansão, $r=0,88$) foi mais eficiente, em comparação à presença de dominância (produção de grãos, $r=0,53$). Os resultados gerais demonstraram que o uso de modelos mistos é uma alternativa eficiente na análise dialélica, proporcionando boa precisão nas estimações dos parâmetros genéticos, além de permitir a previsão de cruzamentos não realizados.

ABSTRACT

VALENTE, Mágnio Sávio Ferreira, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2010. **The use of BLUP/REML for genetic evaluation of popcorn elite lines.** Advisor: José Marcelo Soriano Viana. Co-advisors: Marcos Deon Vilela de Resende e Fabyano Fonseca e Silva.

In breeding programs, it is important to use viable alternatives to reduce cost and time spent on population evaluations, combined with adequate statistical methodologies applying the maximum information available. Within this context, this work aimed to: i) study the genetic control of popping capacity and grain yield in popcorn; ii) predict the effects of general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA), applying mixed model analysis; iii) evaluate the performance *per se* of the lines used in hybrid crosses; and iv) evaluate the efficiency of Best Linear Unbiased-Prediction (BLUP) in predicting the performance of non crossed hybrids in diallelic analysis. Data from experiment evaluations of intra-population diallels of the Beija-Flor and Viçosa popcorn populations were used in the analyses. Eighteen S₆ Beija-Flor elite lines were analyzed in ten environments and 29 S₆ Viçosa elite lines in eight environments. Combined analyses were carried out, considering all the environments, with the additive model being adopted. The *software* ASREML was used in all analyses. GCA variability was verified both for grain yield and popping capacity. A significant SCA variability was verified in Beija-Flor for the two variables. In Viçosa, SCA was significant at 8% for grain yield while for popping capacity, the presence of additive effects was practically verified in its expression. Through the incorporation of sibling relationships in diallelic analysis, SCA values of combination of a line with itself (s_{jj}) were predicted, without such cross being carried out. The use of BLUP/REML allowed the prediction of over 43 to 210% hybrid combinations, if compared only to the hybrid observed. Based on hybrid predictions, promising crosses were identified both for grain yield and popping capacity, being observed that the inclusion of a pedigree seems to make the analyses more accurate, as compared to the model not using this information. The performance *per se* and under S₆ family crosses showed moderate correlations ($r = 0.53$) for popping capacity, showing that families with high popping capacity GCA can be selected, based on their performance *per se*. Aiming to obtain information on the efficiency in predicting S₆ families based on performance *per se* and on S₃ family crosses, a positive correlation ($r = 0.76$) was found for production between the GCA of top cross hybrids of the S₃ families and the S₆ family hybrids. When verifying BLUP

efficiency in the prediction of non crossed hybrids, moderate to high Pearson and Spearman correlations were found among the predicted and observed values. Prediction of hybrids in the absence of dominance (popping capacity, $r = 0.88$) was more efficient than in the presence of dominance (grain yield, $r = 0.53$). The overall results showed that the use of mixed models is an efficient alternative in diallelic analysis, providing good precision in estimating genetic parameters, besides allowing the prediction of non crossed hybrids.

1. INTRODUÇÃO

Com a intenção de obter com maior fidelidade o valor genético de cada indivíduo que participa do processo de seleção, foram desenvolvidas várias metodologias que procuram o aproveitamento máximo das informações disponíveis. Neste sentido, o uso de cruzamentos dialélicos vem auxiliando na escolha dos genitores a serem cruzados (Jaramillo et al., 2005).

A forma usual de análise dialélica admite que os valores genéticos são fixos, o que pode induzir a distorções nas avaliações e influir na obtenção de estimativas dos valores genéticos (Henderson, 1984). Deste modo, a melhor estratégia de análise seria a partir de metodologias que considerem os valores genéticos como sendo valores aleatórios e como tal obter suas predições (White e Hodge, 1989; Resende 1997). Com os avanços computacionais, a grande demanda de processamento exigida nas análises de modelos mistos deixa de ser um problema, sendo atualmente as predições dos efeitos aleatórios facilmente obtidas com o uso do melhor preditor linear não viesado (BLUP) (Henderson, 1974 e 1975).

O BLUP tornou-se o método mais utilizado para avaliação genética em animais e culturas perenes e com grande potencial em culturas anuais (Viana et al., 2010a). No contexto de obtenção de híbridos de milho, pode ser mais uma ferramenta à disposição do melhorista, permitindo predizer os melhores cruzamentos antes mesmo de sua realização, desde que informações de parentesco genético entre as linhagens estejam disponíveis (Bernardo, 1994, 1995, 1996a, 1996b). Assim, a partir de covariâncias genéticas entre as linhagens a serem cruzadas, pode-se predizer o desempenho genotípico de alguns dos seus cruzamentos, permitindo serem testados somente os cruzamentos mais promissores.

A metodologia de modelos mistos apresenta várias vantagens, permitindo utilizar simultaneamente grande número de informações, provenientes de diferentes gerações, locais e idades, gerando estimativas e predições mais precisas (Henderson, 1984; Resende, 2002). Segundo Bauer e Léon (2008) a grande vantagem do BLUP em relação às outras metodologias é a possibilidade de incluir na análise as informações de parentesco entre os indivíduos testados. De acordo com Piepho e Möhring (2006), em situações onde há heterogeneidade nas variâncias (devido a perdas de dados, por exemplo), o método mais eficaz é o BLUP/REML.

Em geral, o BLUP não é superado por outros procedimentos genético-estatísticos, exceto para a análise de dados categóricos (Stock et al. 2007), e é considerado superior em condição de dados desbalanceados (Panter e Allen, 1995; Furlani et al., 2005). Contudo, Carvalho et al. (2008), comparando o procedimento de BLUP/REML com o de Mínimos Quadrados na previsão e estimativa de parâmetros e valores genéticos em progênies de soja, não observaram diferenças práticas entre os dois procedimentos.

Valério et al. (2009) submeteram genótipos de trigo a análise dialélica pelo modelo 2 de Griffing (fixo) e por BLUP (aleatório). Os resultados mostram que ambos os modelos foram concordantes para efeitos da capacidade geral de combinação. Por outro lado, para a capacidade específica de combinação os dados devem ser usados com cautela, considerando os dois modelos simultaneamente. Em análise dialélica, o BLUP apresenta-se como um procedimento bem robusto, obtendo altas correlações entre o desempenho predito e o observado de híbridos mesmo em situações onde a relação genética entre as linhagens estão incorretas (Bernardo, 1996b). Reis et al. (2005), usando BLUP em combinação com a técnica bootstrap em uma análise dialélica de linhagens de milho, relataram que a correlação entre os valores preditos e observados da produção média dos híbridos diminuiu com a redução do número de pais, e enfatizou que a queda foi menos acentuada com o uso do BLUP em relação ao modelo fixo (BLUE).

Em programas de melhoramento é importante o uso de alternativas viáveis para redução de custos e tempo nas avaliações de populações, aliadas ao uso de metodologias estatísticas adequadas, que aproveitem ao máximo as informações disponíveis. Neste contexto, o presente trabalho teve como objetivos: i) estudar o controle genético da capacidade de expansão e produção de grãos em milho-pipoca; ii) predizer os efeitos da capacidade geral e específica de combinação por meio da análise de modelos mistos; iii) avaliar o desempenho *per se* das linhagens utilizadas nos cruzamentos híbridos; iv) avaliar a eficiência do BLUP na predição do desempenho de híbridos não realizados na análise dialélica.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Dados experimentais

Para realização das análises, foram utilizados resultados de experimentos de avaliação de dialelos intrapopulacionais das populações de milho-pipoca Beija-Flor e Viçosa, do Programa de Melhoramento do Departamento de Biologia Geral, da Universidade Federal de Viçosa.

Para compor o dialelo intrapopulacional de Beija-Flor foram utilizadas 18 linhagens elites S_6 com alta capacidade de expansão. Para facilitar os trabalhos de polinização foram realizados dois blocos de cruzamento, envolvendo 7 e 11 linhagens S_6 , sendo obtidas 21 e 55 combinações híbridas nos anos agrícolas de 2003/2004 e 2004/2005, respectivamente. Assim, dos 153 cruzamentos híbridos possíveis, apenas 76 foram realizados.

Para a obtenção dos híbridos, foram semeadas 20 sementes das linhagens, em fileiras de 4,0 m, no campo experimental do Setor de Genética da Universidade Federal de Viçosa, pareadas de forma que os cruzamentos desejados fossem efetuados com maior facilidade. O plantio foi realizado em três épocas e os cruzamentos entre as linhagens foram feitos por meio de polinizações manuais. Além de verificar o desempenho das linhagens em cruzamento, o trabalho de polinização também serviu para avaliar o desempenho *per se* das mesmas.

Os testes de avaliação dos híbridos foram conduzidos em três locais: Capinópolis-MG, Governador Valadares-MG e Maringá-PR, nos anos agrícolas de 2004/2005, 2005/2006 e 2006/2007. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, variando de 4 a 5 repetições por ambiente, e parcela experimental constituída de 3 a 4 fileiras de 5 m, espaçadas de 0,90 m, com 30 plantas por fileira.

No dialelo intrapopulacional de Viçosa foram utilizadas como parentais 29 linhagens S_6 de alta capacidade de expansão. De maneira semelhante ao praticado no dialelo de Beija-Flor, as linhagens de Viçosa foram endereçadas a diferentes blocos de cruzamento, sendo obtidos um total de cinco blocos de cruzamento, com 8, 6, 5, 5 e 5 linhagens, respectivamente. Assim, dos 406 cruzamentos híbridos possíveis, apenas 73 foram realizados.

Para a obtenção dos híbridos de Viçosa, foram semeadas 25 sementes das linhagens elites S_6 , em fileiras de 5 m, sendo o plantio realizado em três épocas distintas

em Viçosa-MG, nos anos agrícolas 2006/2007 e 2007/2008. Além de verificar o desempenho em cruzamento das linhagens, o trabalho de polinização também serviu para avaliar o desempenho *per se* das mesmas.

Os testes de avaliação dos híbridos entre linhagens de Viçosa foram conduzidos em quatro locais: Capinópolis-MG, Maringá-PR, Ponte Nova-MG e Coimbra-MG, nos anos agrícolas 2007/2008 e 2008/2009. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com 4 repetições por ambiente, e a parcela experimental constituída de 2 a 3 fileiras de 5 m, espaçadas de 0,90 m, com 30 plantas por fileira.

Em cada parcela experimental foi avaliado o estande final (covariável), a produção de grãos (PG; kg/ha), a umidade dos grãos (covariável) e a capacidade de expansão (CE; ml/g), avaliada em microondas, utilizando amostra de 30 g.

2.2. Metodologia

O valor genotípico de um híbrido simples é

$$G_{ij} = M + CGC_i + CGC_j + CEC_{ij}$$

em que,

M é a média geral dos híbridos simples;

CGC_i é a capacidade geral de combinação da linhagem i ;

CGC_j é a capacidade geral de combinação da linhagem j ;

CEC_{ij} é a capacidade específica de combinação entre as linhagens i e j .

Em termos matriciais, tem-se

$$y = X\beta + Z_1g + Z_2s + Z_3(ga) + Z_4(sa) + e$$

em que,

y é o vetor de observações;

β é o vetor de parâmetros dos efeitos fixos;

g e s são os vetores dos efeitos da capacidade geral e específica de combinação, respectivamente, (assumidos como aleatórios);

ga e sa são os vetores dos efeitos das interações entre capacidade geral e específica de combinação com o ambiente, respectivamente, (assumidos como aleatórios);

e é o vetor de resíduos.

X , Z_1 , Z_2 , Z_3 e Z_4 representam as matrizes de incidência dos efeitos β , g , s , ga e sa , respectivamente.

A predição dos efeitos aleatórios em modelos mistos pode ser obtida por meio da maximização da função densidade de probabilidade conjunta de y e dos efeitos aleatórios do modelo, em relação aos efeitos fixos e valores genéticos (Henderson et al., 1959). Seguindo recomendação de Bernardo (1994), assumiu-se que g e s representam efeitos aleatórios, sendo a esperança matemática desses vetores iguais a zero e as variâncias e covariâncias como:

$$Var(g) = \frac{1}{2} \sigma_{CGC}^2 \begin{bmatrix} 2r_{11} & 2r_{12} & \cdots & 2r_{1n} \\ 2r_{12} & 2r_{22} & \cdots & 2r_{2n} \\ \cdots & \cdots & \ddots & \cdots \\ 2r_{1n} & 2r_{2n} & \cdots & 2r_{nn} \end{bmatrix} = \frac{1}{2} \sigma_{CGC}^2 A \quad e$$

$$Var(s) = \sigma_{CEC}^2 \begin{bmatrix} 1 & u_{12} & \cdots & u_{1t} \\ u_{12} & 1 & \cdots & u_{2t} \\ \cdots & \cdots & \ddots & \cdots \\ u_{1t} & u_{2t} & \cdots & 1 \end{bmatrix} = \sigma_{CEC}^2 D$$

em que σ_{CGC}^2 e σ_{CEC}^2 são os componentes de variância da capacidade geral e específica de combinação, respectivamente, o r_{ij} é o coeficiente de parentesco das progênes i e j , u_{ij} é a probabilidade de indivíduos i e j terem genes idênticos por descendência, A e D são as matrizes de parentesco genético aditiva e dominante entre as n linhagens, e $t=n(n-1)/2$ combinação híbridas, respectivamente. Deste modo, temos para o vetor g que,

$$Var(g_i) = \sigma_{CGC}^2$$

$$Cov(g_i, g_j) = P(\text{linhagens } i \text{ e } j \text{ terem genes idênticos por descendência}) \sigma_{CGC}^2$$

$$= P(\text{gene de } i \equiv \text{gene de } j) \sigma_{CGC}^2 = r_{ij} \sigma_{CGC}^2.$$

Para o vetor s temos que,

$$Var(s_{ij}) = \sigma_{CEC}^2$$

$$Cov(s_{ij}, s_{kl}) = Cov(CEC_{ij}, CEC_{kl})$$

$$= P(\text{híbridos terem genes idênticos por descendência}) \sigma_{CEC}^2$$

$$= u_{(ij)(kl)} \sigma_{CEC}^2 = \left(r_{ij} r_{kl} + r_{il} r_{jk} \right) \sigma_{CEC}^2.$$

A partir dessas pressuposições, foram construídas as equações de modelo misto, que permitiram a obtenção das estimativas para os efeitos fixos (β^0) e predições para os efeitos aleatórios (\tilde{g} , \tilde{s} , $\tilde{g}a$ e $\tilde{s}a$). A solução conjunta para os efeitos fixos e aleatórios foi obtida pelo seguinte sistema de equações (Henderson, 1984):

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z_1 & X'Z_2 & X'Z_3 & X'Z_4 \\ Z_1'X & Z_1'Z_1 + \lambda A^{-1} & Z_1'Z_2 & Z_1'Z_3 & Z_1'Z_4 \\ Z_2'X & Z_2'Z_1 & Z_2'Z_2 + \tau D^{-1} & Z_2'Z_3 & Z_2'Z_4 \\ Z_3'X & Z_3'Z_1 & Z_3'Z_2 & Z_3'Z_3 + \gamma I & Z_3'Z_4 \\ Z_4'X & Z_4'Z_1 & Z_4'Z_2 & Z_4'Z_3 & Z_4'Z_4 + \delta I \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^0 \\ \tilde{g} \\ \tilde{s} \\ \tilde{g}a \\ \tilde{s}a \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z_1'y \\ Z_2'y \\ Z_3'y \\ Z_4'y \end{bmatrix}$$

em que $\lambda = \sigma^2 / \sigma_{CGC}^2$, $\tau = \sigma^2 / \sigma_{CEC}^2$, $\gamma = \sigma^2 / \sigma_{CGCxA}^2$ e $\delta = \sigma^2 / \sigma_{CECxA}^2$. Sendo σ^2 o componente de variância residual, σ_{CGCxA}^2 e σ_{CECxA}^2 os componentes de variância das interações entre a capacidade geral e específica de combinação com o ambiente, respectivamente.

O método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) proposto por Patterson e Thompson (1971) foi utilizado para o cálculo dos componentes de variância genotípica e residual. A partir do ajuste do modelo pelo processo iterativo, foi obtida a predição dos componentes de variância de cada vetor aleatório, assim como a solução do vetor de efeitos fixos.

Para avaliar a significância dos efeitos aleatórios foi utilizado o teste da razão de verossimilhança (LRT), sendo este o teste cientificamente recomendado em análise de modelos mistos com dados desbalanceados (Resende, 2002). Para tal, foram empregados dois modelos R_1 e R_2 , considerando e desconsiderando o efeito a ser testado, respectivamente. Para cada modelo foi encontrado o ponto de máximo do logaritmo da função de verossimilhança. Assim, temos pela estatística REMLRT (D):

$$D = 2 [\log(R_2) - \log(R_1)]$$

sendo D associado a dois modelos ajustados com valor da função densidade e probabilidade (distribuição χ^2) para determinado número de graus de liberdade e probabilidade de erro. O número de graus de liberdade foi definido pela diferença no número de parâmetros entre os modelos.

A acurácia, estimativa da correlação entre os valores preditos e os valores verdadeiros, foi calculada pela expressão:

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

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

Foram realizadas análises conjuntas, considerando todos os ambientes. Em todas as análises foi adotado o modelo aditivo-dominante utilizado o software ASREML (Gilmour et al. 2002).

2.3. Predição do desempenho de híbridos não realizados

A performance de um conjunto de m híbridos não observados (perdidos ou não realizados) pode ser predita a partir de um conjunto de p híbridos realizados (preditores) (Bernardo, 1995). Para determinar a eficiência dessa predição, adotou-se o procedimento de validação cruzada (“cross validation”) (Bernardo, 1995; André, 1999). Para tanto, foi utilizado o bloco de cruzamento 8x8 de Viçosa, uma vez que, era desejável que todo o conjunto de híbridos fosse obtido e avaliado e que existisse relações de parentesco entre as linhagens.

Considerando somente o bloco de cruzamento 8x8 de Viçosa, foi simulada a retirada de cada um dos 28 híbridos do conjunto, sendo sua predição realizada a partir dos 27 remanescentes. Para tanto, fez-se uso de informações de parentesco entre as linhagens. Dessa forma, este procedimento foi repetido para cada um dos 28 híbridos, obtendo 28 predições as quais foram comparadas com os valores observados através do cálculo das correlações de Pearson e de Spearman. Foram obtidas predições para produção de grão, capacidade de expansão e capacidade específica de combinação.

Seguindo orientação de Bernardo (1995, 1996a) e André (1999), a predição do desempenho do conjunto de híbridos não avaliados (\hat{Y}_p), foi dada por $\hat{Y}_p = C_{1AP} G_{AA}^{-1} \hat{Y}_A$, na qual $C_{1AP} = Z_{1P} G_{1P} Z'_{1A} + Z_{2P} G_{2P} Z'_{2A}$ é a matriz de covariância genética entre os híbridos avaliados (preditores) e os híbridos com desempenho a ser predito, $G_{AA} = Z_{1A} G_1 Z'_{1A} + Z_{2A} G_2 Z'_{2A}$ é a matriz de variâncias e

covariâncias genéticas dos híbridos avaliados e \hat{Y}_A o vetor das predições dos híbridos avaliados. Temos G_{1P} e G_{2P} representando as matrizes de covariâncias genéticas das capacidades gerais e específica de combinação entre os híbridos avaliados e os com desempenho a ser predito, respectivamente, e G_1 e G_2 as matrizes de variância e covariância das capacidades gerais e específicas de combinações das linhagens, respectivamente. Z_{1P} , Z_{2P} , Z_{1A} e Z_{2A} , representam a matrizes de incidência dos efeitos G_{1P} , G_{2P} , G_1 e G_2 , respectivamente.

Os valores preditos das capacidades específicas de combinação dos híbridos não avaliados (\hat{S}_A) foram obtidos por $\hat{S}_A = C_{2AP}G_2^{-1}\hat{S}_P$, em que C_{2AP} é a matriz de covariância genética das capacidades específicas de combinação entre os híbridos avaliados e os com desempenho a ser predito, e \hat{S}_P é o vetor de predições da capacidade específica de combinação.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Análise combinatória

Para o melhorista de plantas anuais a aplicação mais provável do BLUP é a estimação de parâmetros genéticos e predição dos valores genotípicos dos indivíduos sob seleção. Dependendo dos efeitos da interação com o ambiente serem ignorados ou não, as estimativas de variância genética aditiva bem como os valores genéticos preditos dos indivíduos podem ser tendenciosos (Lu et al., 1999). Deste modo, foram consideradas as interações da capacidade geral e específica de combinação com o ambiente, a fim de obter um modelo mais completo que melhor ajustasse aos dados.

Para Beija-Flor, o teste da interação entre a capacidade geral de combinação com o ambiente revelou significância somente para produção, a um nível de significância inferior a 1% (teste LRT) (Tabela 1). Para Viçosa, a interação CGC x Ambiente foi significativa a menos de 5% tanto pra produção como para capacidade de expansão. Não houve diferença significativa para interação CGC x Ambiente nas duas populações.

Os testes para CGC indicaram a presença de alta variabilidade entre as linhagens, deste modo, é possível encontrar diferenças entre a freqüência de genes que afetam a expressão do caráter no híbrido em comparação a sua freqüência nos parentais do dialelo (Viana et al., 2000).

Tabela 1 – Estimativas dos componentes de variância obtidas por BLUP/REML em análises conjuntas de híbridos intrapopulacionais, considerando produção de grãos (PG, kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mg/mL).

Parâmetros	Beija-Flor		Viçosa	
	PG	CE	PG	CE
CGC	7514,92 ^{6,0E-13*}	0,9578 ^{1,8E-11}	8736,20 ^{1,1E-8}	0,3056 ^{1,3E-3}
CEC	8924,04 ^{2,3E-2}	0,9532 ^{3,0E-5}	10907,42 ^{8,1E-2}	0,0000 ^{1,0E+0}
CGC x Amb.	6005,02 ^{6,8E-4}	0,1384 ^{3,2E-1}	4274,10 ^{2,7E-2}	0,1116 ^{1,2E-2}
CEC x Amb.	0,00 ^{1,0E+0}	3,0158 ^{5,1E-2}	11905,90 ^{2,2E-1}	0,0000 ^{1,0E+0}
Variância Residual	104304,00	10,4734	218829,00	8,9802
População (média)	2151,31	29,26	2969,55	34,38
Testemunhas (média)	2388,33	31,53	3111,81	36,71

* P-valor dado pelo teste da razão de máxima verossimilhança.

Para auxiliar no reconhecimento da melhor combinação híbrida, a CEC é de fundamental importância e deve ser interpretada como sendo o desvio de um cruzamento em relação ao que seria esperado com base na CGC de seus progenitores (Cruz e Vencovsky, 1989). Para Beija-Flor houve diferença significativa para CEC nas duas variáveis analisadas, indicando um comportamento diferenciado entre as linhagens e a presença de efeitos não-aditivos entre os cruzamentos híbridos. Para Viçosa, a CEC foi significativa a 8% para produção de grãos, enquanto para capacidade de expansão não foi observada a presença de efeitos de dominância na sua expressão. Vários são os trabalhos que têm demonstrado a predominância de efeitos genéticos aditivos no controle gênico da capacidade de expansão (Dofing et al., 1991; Larish e Brewbaker, 1999).

Assim como ocorre em capacidade de expansão, é desejável para fins de melhoramento que os efeitos genéticos aditivos sejam predominantes sobre os não-aditivos. Contudo, Davik e Honne (2005), em abordagem de modelos mistos, relatam uma diminuição na relação CGC/CEC com o uso do pedigree em morangueiro.

Altas estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação ocorrem para genótipos cujas frequências de alelos favoráveis são maiores do que a frequência média dos alelos em todos os genótipos analisados (Vencovsky, 1970). Neste sentido, para Beija-Flor tiveram destaques às linhagens L15, L4 e L5 para produção e as linhagens L10, L13 e L7 para capacidade de expansão (Tabela 2). Todavia os efeitos da CGC tiveram correlações de Pearson e Spearman próximas de zero ($r=-0,04$ e $r=-0,05$, respectivamente) entre as variáveis. A baixa correlação e até mesmo a presença de

correlação negativa entre produção e CE somente dificulta a seleção de indivíduos superiores com interesse de melhoramento simultâneo nas duas variáveis.

Tabela 2 – Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\tilde{g}) para as linhagens de Beija-Flor com suas respectivas acurácias ($r_{A\tilde{A}}$).

PG			CE		
Linhagens	\tilde{g}	$r_{A\tilde{A}}$	Linhagens	\tilde{g}	$r_{A\tilde{A}}$
L15	72,56	0,5700	L10	1,3420	0,7587
L4	64,57	0,7015	L13	0,9533	0,7702
L5	49,04	0,6779	L7	0,7572	0,7920
L16	26,20	0,6114	L6	0,7147	0,7872
L12	23,35	0,6930	L8	0,6660	0,7995
L1	17,88	0,7049	L5	0,4597	0,7326
L7	17,61	0,7263	L1	0,4329	0,7603
L6	17,49	0,7269	L12	0,4297	0,8012
L11	16,14	0,5930	L2	0,4155	0,8064
L18	14,16	0,4934	L17	0,3437	0,8019
L8	-2,55	0,6885	L3	0,0472	0,7417
L9	-2,95	0,6002	L9	-0,0208	0,7469
L13	-8,91	0,6799	L4	-0,0404	0,7549
L10	-16,35	0,6340	L14	-0,5411	0,7365
L14	-69,45	0,5885	L11	-0,5791	0,7118
L3	-76,50	0,6906	L15	-0,8157	0,7271
L17	-109,20	0,7249	L16	-0,8831	0,7472
L2	-116,20	0,7386	L18	-1,4830	0,6581

De forma análoga, para Viçosa tiveram destaque as linhagens L9', L13' e L15' para produção e as linhagens L22', L19' e L6' para capacidade de expansão (Tabela 3). Baixas correlações de Pearson e Spearman ($r=-0,09$ e $r=-0,04$, respectivamente) também foram encontradas entre os efeitos da CGC obtido para produção com aqueles obtidos para capacidade de expansão.

Tabela 3 – Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\tilde{g}) para as linhagens de Viçosa com suas respectivas acurácias (r_{AA}).

Linhagens	PG		Linhagens	CE	
	\tilde{g}	r_{AA}		\tilde{g}	r_{AA}
L9'	125,60	0,6667	L22'	0,4440	0,8539
L13'	77,97	0,6328	L19'	0,3573	0,8015
L15'	74,61	0,6849	L6'	0,3130	0,7970
L29'	69,89	0,6566	L12'	0,2975	0,7435
L6'	65,15	0,6708	L8'	0,1966	0,7906
L26'	40,42	0,7320	L1'	0,1775	0,8105
L14'	38,41	0,7589	L27'	0,1618	0,8553
L19'	38,17	0,6999	L20'	0,1591	0,7255
L28'	37,94	0,7239	L23'	0,1553	0,8511
L18'	32,44	0,5857	L15'	0,1479	0,7909
L7'	32,27	0,5911	L11'	0,1448	0,7688
L2'	29,72	0,6534	L17'	0,1385	0,6666
L4'	28,59	0,6507	L4'	0,0578	0,7977
L22'	20,41	0,7412	L3'	0,0549	0,8077
L17'	14,15	0,5765	L26'	0,0537	0,8427
L25'	13,79	0,7683	L21'	0,0185	0,8657
L5'	11,34	0,6853	L14'	-0,0013	0,8508
L20'	9,71	0,6190	L28'	-0,0102	0,8377
L27'	1,16	0,7573	L5'	-0,0146	0,8087
L11'	-5,96	0,6317	L29'	-0,0289	0,7586
L3'	-8,94	0,6597	L13'	-0,0429	0,7301
L24'	-26,16	0,7660	L25'	-0,0520	0,8634
L23'	-30,05	0,7230	L24'	-0,1072	0,8649
L21'	-32,71	0,7657	L10'	-0,1180	0,8079
L16'	-35,78	0,5576	L16'	-0,1431	0,6971
L8'	-46,14	0,6485	L7'	-0,2986	0,7290
L10'	-81,30	0,6719	L9'	-0,3141	0,7985
L1'	-96,84	0,6684	L2'	-0,4400	0,8064
L12'	-102,80	0,6160	L18'	-0,5439	0,6965

As estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação para produção e capacidade de expansão estão representadas nas Tabelas 4 e 5 para Beija-Flor e na Tabela 6 para Viçosa. Para Viçosa, as predições da CEC só estão representadas para produção de grãos devido a ausência de dominância avaliando capacidade de expansão. Baixos valores de CEC indicam que os híbridos apresentam comportamento conforme o esperado com base na CGC, enquanto que elevados valores absolutos revelam um desempenho melhor ou pior do que o esperado. Portanto, as estimativas de CEC evidenciam o efeito de genes com efeitos não aditivos, seja de dominância ou de epistasia.

Uma das vantagens da utilização de modelos mistos na análise dialélica é a obtenção do efeito de capacidade específica de combinação de uma linhagem com ela mesma (s_{jj}) sem que os genitores tenham sido avaliados, desde que se tenha informações suficientes de parentesco entre as linhagens. Para Beija-Flor nada se pôde concluir sobre a direção dos desvios dominância indicados pela s_{jj} , uma vez que, apenas uma predição de s_{jj} foi obtida. Para Viçosa, foram obtidas cinco predições de s_{jj} para a variável produção de grãos, evidenciando dominância bidirecional. Além de indicar a direção dos desvios de dominância, a magnitude de s_{jj} , por sua vez, é indicativa da divergência genética do parental j em relação à média dos demais parentais do dialelo (Viana et al., 2000).

Tabela 4 – Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação, para produção de grãos, na população Beija-Flor.

	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8	L9	L10	L11	L12	L13	L14	L15	L16	L17	L18
L1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L2	-18,89	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L3	-92,05	11,81	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L4	51,18	-95,56	83,95	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L5	76,60	-59,47	-51,57	0,47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L6	-47,23	-54,53	-61,73	119,40	117,50	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L7	51,63	71,91	18,75	-82,78	-25,26	-6,25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L8	39,03	32,43	14,17	-62,58	-19,10	-2,29	-34,54	-40,30	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L9	-	-8,60	-	-	-	1,58	-29,38	-22,88	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L10	-	6,02	-	-	-	-34,72	11,05	-14,79	-14,39	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L11	-	14,62	-	-	-	1,01	-15,41	-17,97	3,09	-8,68	-	-	-	-	-	-	-	-
L12	39,03	26,86	14,17	-62,58	-19,10	-4,73	-	-45,69	-38,86	14,62	-20,38	-	-	-	-	-	-	-
L13	-35,70	-36,91	-46,66	90,27	88,79	56,75	-	-0,20	2,09	-45,93	1,34	75,08	-	-	-	-	-	-
L14	-	0,86	-	-	-	-	-	-19,74	3,65	-47,92	-2,44	66,00	-	-	-	-	-	-
L15	-	-	-	-	-	-	-	-7,77	16,55	69,16	40,52	-22,07	-	-39,34	-	-	-	-
L16	-	16,55	-	-	-	-	-	-18,63	54,39	9,22	-9,75	76,00	-53,25	-43,60	29,12	-	-	-
L17	-17,85	-	-	-	-	-	-	11,12	-9,10	6,37	15,47	-0,66	-34,51	0,91	-	17,52	-	-
L18	-	-	-	-	-	-	-	-	-9,42	40,60	-	21,48	-5,94	-	-	-29,90	-	-

* Estimativas de capacidade específica de combinação marcadas (cinza) representam os cruzamentos realizados em campo.

Tabela 5 – Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação, para capacidade de expansão, na população Beija-Flor.

	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8	L9	L10	L11	L12	L13	L14	L15	L16	L17	L18
L1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L2	-0,297	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L3	0,429	0,124	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L4	0,349	-0,114	-0,517	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L5	0,503	0,264	-0,256	0,257	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L6	-0,358	0,237	0,023	-0,109	-0,069	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L7	-0,188	0,641	0,244	0,093	-0,235	0,262	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L8	-0,142	0,064	0,184	0,070	-0,178	0,002	0,427	0,498	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L9	-	0,201	-	-	-	0,414	-0,416	0,042	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L10	-	-0,394	-	-	-	0,224	-0,205	0,027	0,208	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L11	-	-0,948	-	-	-	0,349	-0,753	-0,049	-0,023	-0,173	-	-	-	-	-	-	-	-
L12	-0,142	0,2955	0,184	0,070	-0,178	0,179	-	0,565	-0,551	-0,271	-0,996	-	-	-	-	-	-	-
L13	-0,271	0,397	0,018	-0,082	-0,052	-	-	-0,317	0,547	0,296	0,462	0,012	-	-	-	-	-	-
L14	-	0,118	-	-	-	-	-	-0,139	-0,421	-0,054	0,628	-0,004	0,394	-	-	-	-	-
L15	-	0,211	-	-	-	-	-	-0,060	-1,062	0,686	0,265	0,353	-0,838	0,386	-	-	-	-
L16	-	0,019	-	-	-	-	-	-0,087	0,444	0,712	-0,527	-0,144	-0,278	-0,287	-0,712	-	-	-
L17	-0,281	-	-	-	-	-	-	-0,384	0,213	-0,417	-1,003	0,112	0,650	0,125	0,224	0,020	-	-
L18	-	-	-	-	-	-	-	-0,261	0,037	0,076	-	-0,121	0,044	-1,175	-0,067	-0,034	-	-

* Estimativas de capacidade específica de combinação marcadas (cinza) representam os cruzamentos realizados em campo.

Tabela 6 – Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação, para produção de grãos, na população Viçosa.

	L1'	L2'	L3'	L4'	L5'	L6'	L7'	L8'	L9'	L10'	L11'	L12'	L13'	L14'	L15'	L16'	L17'	L18'	L19'	L20'	L21'	L22'	L23'	L24'	L25'	L26'	L27'	L28'	L29'
L1'	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L2'	-48,7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L3'	-34,1	22,0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L4'	-18,0	90,2	36,3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L5'	-1,9	-26,6	-35,3	-73,0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L6'	-19,1	-13,4	-17,8	-36,8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L7'	22,6	-	-	-	-	-1,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L8'	-68,7	-	-	-	-	33,1	3,9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L9'	65,7	-	-	-	-	109,6	7,5	-3,5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L10'	-	-	-	-	-	-49,4	29,8	-90,9	86,9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L11'	-	-	-	-	-35,3	-30,8	-	-	71,3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L12'	-	-	-	-	-6,2	-7,0	-	-	-13,1	-	-87,8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L13'	-1,0	-13,4	-17,8	-36,8	6,5	4,3	-	-	54,1	-	-48,0	-13,5	4,3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L14'	-	-	-	-	84,0	55,6	3,8	-1,8	-	-	141,4	-26,0	81,7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L15'	-1,4	-20,1	-26,7	-55,2	-	-	-	-	-	-	-39,7	-5,4	8,5	111,1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L16'	-	-	-	-	-3,4	-3,4	-	-	-	-	-	-	-3,4	-	-3,4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L17'	-1,0	-13,4	-17,8	-36,8	-	-	-	-	-	-	-30,8	-7,0	4,3	56,0	-	-5,9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L18'	-	-	-	-	-48,9	-48,9	-	-	-	-	-	-	-48,9	-	-48,9	18,4	-85,6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L19'	-	-	-	-	28,7	28,7	-	-	-	-	-	-	28,7	-	28,7	-56,2	50,2	100,8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L20'	-1,0	-13,4	-17,8	-36,8	-	-	-	-	-	-	-30,8	-7,0	4,3	56,0	-	-6,7	-	-97,0	56,9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
L21'	-1,0	-13,4	-17,8	-36,8	21,2	21,2	-	-	-41,5	-	-30,8	-7,0	12,8	-8,3	21,2	-3,4	21,2	-23,9	-14,2	21,2	39,8	-	-	-	-	-	-	-	-
L22'	-	-	-	-	-13,6	-13,6	-	-	-18,3	-	-	-	-13,6	-34,3	-13,6	-49,5	-13,6	58,2	9,5	-13,6	-44,4	9,5	-	-	-	-	-	-	-
L23'	-	-	-	-	-0,5	-0,5	-	-	12,0	-	-	-	-0,5	18,9	-0,5	-	-0,5	-7,7	18,7	-0,5	-18,3	-44,3	-	-	-	-	-	-	-
L24'	-1,0	-13,4	-17,8	-36,8	-	-	-	-	-25,8	-	-30,8	-7,0	4,3	5,5	-	-3,4	-	-19,6	18,1	-	42,1	-4,2	-1,1	-	-	-	-	-	
L25'	-	-	-	-	-	55,2	3,8	-1,8	-44,8	-	133,6	-24,6	101,5	-78,3	-	-	-	-24,9	-14,0	-	-72,3	-14,4	17,1	-44,6	-78,3	-	-	-	
L26'	-	-	-	-	-	-	-	-	-4,0	-	-	-	-	-7,1	-	-28,3	-	33,1	-	-	-49,6	4,9	37,1	15,1	-17,4	-	-	-	
L27'	-	-	-	-	-	55,2	3,8	-1,8	0,1	-	124,7	-23,0	94,7	-	-	-	-	-3,0	-	-	-82,6	-32,1	27,7	-51,8	-88,8	-8,0	-	-	
L28'	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	9,3	-	-	-	-	-	2,2	54,5	-15,3	19,4	-49,5	30,6	-5,9	-	
L29'	-1,0	-13,4	-17,8	-36,8	60,9	40,6	-	-	-3,4	-	-51,0	-15,5	22,5	24,6	80,6	-3,4	40,6	-48,9	28,7	40,6	30,9	-13,6	-0,5	40,6	-6,4	-	-6,0	-	40,6

* Estimativas de capacidade específica de combinação marcadas (cinza) representam os cruzamentos realizados em campo.

Apesar de alguns cruzamentos não terem sido avaliados em campo, a análise dialélica por meio de modelos mistos, possibilitou a obtenção de parâmetros úteis na predição de híbridos, fornecendo predições de CEC de cruzamentos não realizados. Este procedimento só pôde ser realizado por meio da informação de parentesco incluída nas análises.

Das dezoito linhagens de Beija-Flor, apenas dois grupos de linhagens possuem parentesco entre si, sendo as linhagens L2 e L17 provenientes de mesma família S_3 e as linhagens L7, L8 e L12 com parentesco a partir de famílias S_1 e famílias S_3 . Para Viçosa, o parentesco entre as linhagens é mais complexo, com 69% das linhagens possuindo algum parentesco com as demais. O parentesco variou desde famílias S_0 até famílias S_4 .

Com o uso do procedimento BLUP/REML em Beija-Flor, foi possível predizer 47% e 43% a mais de combinações híbridas para produção e capacidade de expansão, respectivamente, se comparada somente aos híbridos observados. Ou seja, de um total de 68 e 74 híbridos observados para produção e capacidade de expansão, respectivamente, foi possível predizer 100 híbridos para produção e 106 híbridos para capacidade de expansão. Apesar de poucas linhagens de Beija-Flor terem relações de parentesco entre si, o aumento no número de predições dos híbridos foi bastante expressivo.

Para Viçosa, o aumento de predições foi ainda maior (210%), uma vez que, a partir de 72 cruzamentos observados foi possível predizer 223 híbridos para produção. Devido à ausência de dominância observada para capacidade de expansão, foram preditos todos os 406 híbridos, tanto fazendo uso do pedigree como omitindo estas informações.

Após a predição de todos os cruzamentos, foram selecionadas as quinze melhores combinações híbridas para as duas variáveis analisadas (Tabela 7).

Nota-se pela Tabela 7 o claro potencial da aplicação do BLUP na análise dialélica, uma vez que híbridos não realizados tiveram seus valores preditos e parte destes estão entre o grupo de híbridos superiores. Possivelmente, são cruzamentos que podem gerar populações promissoras e, aliado ao fato de que alguns destes cruzamentos nem terem sido realizados, o BLUP se torna uma ferramenta importante na análise dialélica, principalmente quando se tem parentesco entre as linhagens. Ao utilizar informações de marcadores moleculares para compor a matriz de parentesco, André

(1999) observou que entre os dez cruzamentos mais promissores de feijão, quatro não haviam sido realizados e tiveram seus valores genotípicos preditos por BLUP.

Tabela 7 – Predição dos quinze melhores híbridos, realizados e não realizados (em negrito), para produção de grãos (PG, kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mg/mL), empregando BLUP/REML.

Beija-Flor				Viçosa			
PG		CE		PG		CE	
Híbrido	Média	Híbrido	Média	Híbrido	Média	Híbrido	Média
L6 x L4	2352,77	L13 x L10	31,85	L6' x L9'	3269,90	L19' x L22'	35,18
L6 x L5	2335,34	L10 x L6	31,54	L9' x L13'	3227,23	L6' x L22'	35,13
L13 x L4	2297,23	L10 x L8	31,30	L15' x L29'	3194,61	L12' x L22'	35,12
L5 x L1	2294,83	L17 x L13	31,21	L14' x L15'	3193,67	L6' x L19'	35,05
L4 x L1	2284,94	L10 x L7	31,16	L13' x L14'	3167,61	L12' x L19'	35,03
L15 x L11	2280,53	L8 x L7	31,11	L13' x L25'	3162,81	L8' x L22'	35,02
L13 x L5	2280,22	L7 x L2	31,08	L9' x L29'	3161,61	L1' x L22'	35,00
L16 x L15	2279,19	L13 x L2	31,03	L9' x L11'	3160,45	L6' x L12'	34,99
L16 x L12	2276,86	L7 x L6	31,00	L6' x L29'	3145,19	L22' x L27'	34,98
L15 x L10	2276,68	L12 x L8	30,92	L11' x L14'	3143,39	L20' x L22'	34,98
L5 x L4	2265,38	L10 x L9	30,79	L13' x L27'	3143,38	L22' x L23'	34,98
L13 x L12	2240,82	L12 x L10	30,76	L18' x L19'	3140,96	L15' x L22'	34,97
L7 x L1	2238,43	L13 x L9	30,74	L13' x L29'	3139,86	L11' x L22'	34,97
L15 x L9	2237,47	L5 x L1	30,66	L7' x L9'	3134,91	L17' x L22'	34,96
L12 x L1	2231,57	L13 x L12	30,66	L9' x L26'	3131,54	L8' x L19'	34,93
IAC 112	2474,46	IAC 112	32,52	IAC 112	3059,23	IAC 112	37,84
Jade	2480,58	Jade	31,40	Jade	3171,26	Jade	35,53
Zélia	2315,62	Zélia	30,80	Zélia	3104,93	Zélia	36,75
Ângela	2282,66	Ângela	31,38				

Para Beija-Flor, os valores de predições dos híbridos para produção variaram de 1925,91 kg/ha a 2352,77 kg/ha, havendo destaque para o cruzamento L6xL4. Para capacidade de expansão as predições variaram de 26,06 g/mL a 31,85 g/mL, com destaque ao cruzamento L13xL10. Apesar de serem híbridos intrapopulacionais, podemos observar que as melhores combinações híbridas possuem valores bem próximos aos híbridos comerciais possuindo uma média pouco inferior a média das testemunhas.

Em Viçosa, a produção dos híbridos variou de 2751,25 kg/ha a 3269,90 kg/ha, dentre os cruzamentos mais promissores para produção estão o L6'xL9' e o L9'xL13', ambos com estimativas de produção superiores aos híbridos comerciais (testemunhas).

Para capacidade de expansão, as predições variaram de 33,39 g/mL a 35,18 g/mL e os melhores híbridos foram obtidos pelas combinações das melhores CGC, havendo destaque os cruzamentos L19'xL22' e L6'xL22'.

É desejável que a identificação dos melhores híbridos esteja associada a altos valores de acurácia para as predições dos parâmetros genéticos. Deste modo, foram observados valores satisfatórios de acurácias para as duas variáveis analisadas (Tabela 8). Viana et al. (2010a) empregando BLUP/REML multi-gerações em famílias de meios-irmãos de milho-pipoca, encontraram acurácias de 0,52 para produção e 0,71 para capacidade de expansão. Altos valores de acurácia também foram observados por Viana et al. (2010b) ao utilizar BLUP multicaracterística. Rocha et al. (2006), avaliando testes de progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla*, verificaram superioridade da metodologia BLUP/REML em relação aos quadrados mínimos na seleção entre famílias, apresentando valores de acurácia superiores a 70% em todas as populações, mostrando o procedimento BLUP/REML como ferramenta adequada para este fim. Visando à produção de híbridos interespecíficos, Rocha et al. (2007) verificaram alta acurácia nas predições com o uso de modelos mistos e reforçaram a importância do uso de metodologias promissoras na seleção de genitores em eucalipto.

Tabela 8 – Acurácia das predições dos componentes de variância utilizando BLUP/REML em diferentes modelos.

Modelo	Beija-Flor		Viçosa	
	PG	CE	PG	CE
C/ pedigree	0,6913	0,7560	0,6900	0,7917
S/ pedigree	0,6354	0,7733	0,5526	0,8284

Apesar do uso de modelos mistos permitir a inclusão da matriz de parentesco nas análises, sua inclusão proporcionará aumentos nas acurácias quanto maior for as relações de parentesco entre os indivíduos. É importante utilizar todas as informações disponíveis para se aproximar ao máximo do valor genético verdadeiro do indivíduo, deste modo, aspectos como modelos mais apropriados (Lu et al., 1999), volume e qualidade dos dados, também devem ser considerados visando o aumento da acurácia. Atkin et. al. (2009), observaram que as análises com a inclusão de uma maior quantidade de dados (anos e ambientes) tiveram maior efeito sobre os valores genéticos do que a incorporação de pedigree. Contudo, quanto maior a incorporação de dados e de pedigree, maior era a confiabilidade das estimativas de valor genético.

No presente trabalho, a inclusão da matriz de parentesco proporcionou análises mais acuradas para produção de grãos, obtendo para Beija-Flor e Viçosa análises aproximadamente 9% e 25% mais acuradas do que quando comparadas as análises sem o uso da informação de parentesco (Tabela 8). Para capacidade de expansão as análises foram mais acuradas sem uso da matriz de parentesco. Contudo, esta superioridade não foi muito expressiva chegando a 2% e 5% para CE em Beija-Flor e Viçosa, respectivamente.

Embora informações de pedigree serem freqüentemente incluídas através da matriz de parentesco (A), Piepho et al. (2008) ressaltaram a simples exploração da mesma informação por um modelo mistos simples, sem referência explícita à matriz-A, mostrando a importância do BLUP, mesmo sem informações de pedigree. Estes autores ainda verificaram que a análise por BLUP proporcionou boa acurácia preditiva. Neuner et al. (2009), gerando uma população base de gado de leite por meio de simulação, tiveram como principal conclusão que a informação fenotípica da mãe e a dimensão do pedigree tem um impacto importante sobre a precisão dos parâmetros genéticos estimados por BLUP.

3.2. Avaliação *per se* das linhagens S₆

Avaliando o desempenho *per se* das linhagens S₆ utilizadas na análise dialélica, foi verificada diferença significativa entre o desempenho das linhagens nas diferentes épocas de plantio (Tabela 9). Somente para produção de grão em Viçosa parece não ter ocorrido interação Família x Época. As análises de variância evidenciaram variabilidade genética para produção e capacidade de expansão.

Tabela 9 - Estimativas dos componentes de variância obtidas por BLUP/REML em análises conjuntas, considerando produção de grãos (PG, kg/ha) e capacidade de expansão (CE, mg/mL).

Parâmetros	Beija-Flor		Viçosa	
	PG	CE	PG	CE
Família	3310,40 ^{9,9E-8*}	1,0837 ^{2,6E-7}	729871.00 ^{5,1E-10}	2.4794 ^{1,9E-8}
Família x Época	3617,11 ^{3,7E-3}	4,5268 ^{9,8E-5}	15812.10 ^{7,8E-1}	4.6610 ^{3,4E-6}
Variância Residual	35409,00	23,0934	587565,00	15,9288
Acurácia	0,7267	0,5455	0,9154	0,6961

* P-valor dado pelo teste da razão de máxima verossimilhança.

Conforme esperado, devido à presença de maiores relações de parentesco entre as linhagens de Viçosa, foram obtidos maiores valores de acurácia para Viçosa, em relação a Beija-Flor.

Com a expectativa de que o desempenho *per se* de linhagens S₆ fosse um bom preditor da capacidade geral de combinação, foram realizadas correlações entre os valores genéticos aditivos (\tilde{A}) obtidos na avaliação *per se* das linhagens, com os valores de capacidade geral de combinação (\tilde{g}) obtidos na avaliação em cruzamento (análise dialélica) de mesmas linhagens S₆ (Tabela 10).

Tabela 10 – Correlações entre o desempenho *per se* (\tilde{A}) das linhagens S₆ com seu desempenho em cruzamento (\tilde{g}).

Populações	Variáveis	Pearson	Spearman	Coincidência ¹
Beija-Flor	PG (\tilde{A}) x PG (\tilde{g})	0,1900	0,0650	20,00
	CE (\tilde{A}) x CE (\tilde{g})	-0,2382	-0,2528	-
Viçosa	PG (\tilde{A}) x PG (\tilde{g})	0,3462	0,3074	66,67
	CE (\tilde{A}) x CE _m (\tilde{g})	0,5309	0,4892	66,67

¹Coincidência (%) na seleção dos 30% superiores avaliando o desempenho *per se* e em cruzamento.

Para Beija-Flor, não houve boa correlação entre o ordenamento das famílias obtidas pelas duas estimativas. No entanto, para CE em Viçosa, houve correlação moderada, mostrando ser possível selecionar linhagens com alta CGC para capacidade de expansão a partir de seu desempenho *per se*. Houve também boa coincidência para produção e CE ao selecionar as melhores famílias pelos dois parâmetros (Tabela 10). Toledo (1992) utilizou a média obtida de teste de linhagens de soja e informações de parentesco dos progenitores para predizer os cruzamentos superiores em variedades de soja, e concluiu que o método foi adequado.

O modelo aditivo foi empregado na avaliação *per se* das linhagens, deste modo, era esperada maior correlação entre o valor genético aditivo e a CGC (modelo aditivo-dominante) para CE em relação à produção, uma vez que, para CE os efeitos de dominância estão ausentes, o que não ocorre para produção de grãos.

3.3. Associações entre o desempenho *per se* e em cruzamento de linhagens S₃ com o desempenho de linhagens S₆.

Visando obter informações sobre a eficiência da predição de famílias S₆ a partir do desempenho *per se* e em cruzamento de famílias S₃, foram realizadas correlações entre valores genéticos aditivos (\tilde{A}) e capacidade geral de combinação (\tilde{g}), observados nas duas gerações. Para tanto, foram tomados dados e análises de famílias S₃ das populações Viçosa e Beija-Flor realizadas por Almeida et al. (dados ainda não divulgados). Houve alta correlação positiva somente para produção, entre a CGC dos híbridos topcross de famílias S₃ e de famílias S₆ (Tabela 11). Para este caso, houve correspondência na classificação das famílias superiores obtidas a partir da CGC observada nas duas gerações, sendo coincidentes duas das três famílias de maior produção.

Tabela 11 – Correlações entre o desempenho *per se* (\tilde{A}) e em cruzamentos (\tilde{g}) em famílias S₃, com aqueles obtidos em famílias S₆.

Populações	Variáveis	Pearson	Spearman	Coincidência ¹
Beija-Flor	PG (CGC _{S3}) x PG (CGC _{S6})	0,7624*	0,7212	66,67
	CE (CGC _{S3}) x CE (CGC _{S6})	0,3910	0,2727	33,33
	PG (\tilde{A}_{S3}) x PG (\tilde{A}_{S6})	-0,2810	-0,2116	20,00
	CE (\tilde{A}_{S3}) x CE (\tilde{A}_{S6})	-0,4122	-0,2074	20,00
Viçosa	PG (CGC _{S3}) x PG (CGC _{S6})	-0,0746	-0,0494	16,67
	CE (CGC _{S3}) x CE (CGC _{S6})	-0,2808	-0,0636	16,67
	PG (\tilde{A}_{S3}) x PG (\tilde{A}_{S6})	-0,1997	-0,2798	-
	CE (\tilde{A}_{S3}) x CE (\tilde{A}_{S6})	0,0769	0,0882	22,22

* : Significativo 5% de probabilidade pelo teste t.

¹Coincidência (%) na seleção dos 30% superiores.

Para as demais correlações, os resultados indicam que o desempenho *per se* e em cruzamento de famílias S₃, são ruins como preditores de \tilde{A} e \tilde{g} , respectivamente, em famílias S₆. Algumas das razões para esta baixa correlação entre os valores genético aditivos foram descritas por Elias et al. (2000), sendo a primeira delas a baixa precisão experimental, pois as famílias S₃ foram avaliadas em delineamento de blocos aumentados de Federer (1955), onde nem todos os tratamentos são repetidos. A segunda causa da baixa correlação pode ser a diferença na depressão endogâmica das famílias utilizadas. Oliveira Júnior et al. (1999) ao predizer as propriedades de populações

segregantes F_3 (combinações híbridas) a partir de estudos dialélicos na geração F_1 , em feijão, concluiu que a predição por meio da CGC na F_1 foi mais eficiente que a predição a partir do desempenho *per se* observado no F_1 . Os autores ainda relataram a ocorrência de correlações negativas entre as gerações observadas e as preditas.

3.4. Predição do desempenho de híbridos não realizados

Ao avaliar a metodologia BLUP na predição de híbridos não realizados, foram obtidos os BLUP's, acrescidos da média, para produção de grãos e capacidade de expansão e também as predições para a capacidade específica de combinação para o conjunto de 28 híbridos submetidos ao procedimento de “cross validation” (Tabela 12).

Alguns híbridos não puderam ter seus desempenhos em produção preditos, uma vez que, as relações de parentesco entre as linhagens não foram suficientes para que todas as predições fossem obtidas (Tabela 12). Deste modo, das 28 predições possíveis apenas 10 predições foram observadas. Devido à ausência de dominância, as predições para capacidade de expansão foram tomadas apenas em função das CGC das linhagens em cruzamentos, assim todas as 28 predições puderam ser observadas.

Após a predição do desempenho de todos híbridos não realizados, esses valores puderam então ser comparados aos híbridos observados, permitindo que o procedimento BLUP fosse avaliado (Tabela 13).

Tabela12 – Valores preditos (BLUP's) do desempenho de híbridos não realizados com seus respectivos desvios em relação ao híbrido observado ($Híbrido_{pred} - Híbrido_{obs}$).

Híbrido	CEC _{predita} ¹	Desvios	PG _{predita} ²	Desvios	CE _{predita} ²	Desvios
L21' x L22'	-18,65	25,72	2963,95	51,07	32,30	-0,13
L21' x L23'	-	-	-	-	32,07	0,01
L21' x L24'	-	-	-	-	32,35	0,11
L21' x L25'	-75,96	-3,62	2880,85	2,56	31,95	-0,11
L21' x L26'	-30,91	18,71	2954,20	26,56	32,10	-0,05
L21' x L27'	-28,21	54,43	2938,10	82,74	32,28	-0,03
L21' x L28'	-	-	-	-	32,28	0,03
L22' x L23'	-	-	-	-	32,32	0,18
L22' x L24'	-	-	-	-	32,24	-0,08
L22' x L25'	-14,08	0,27	2999,02	9,62	32,24	0,10
L22' x L26'	-	-	-	-	32,21	-0,02
L22' x L27'	-35,33	-3,25	2955,88	-3,16	32,40	0,01
L22' x L28'	-	-	-	-	32,37	0,04
L23' x L24'	-	-	-	-	31,92	-0,03
L23' x L25'	41,74	24,68	3007,42	37,07	31,76	-0,01
L23' x L26'	-	-	-	-	31,77	-0,09
L23' x L27'	-3,93	-31,67	2904,91	-63,49	31,95	-0,07
L23' x L28'	-	-	-	-	32,01	0,04
L24' x L25'	-55,74	-11,10	2903,83	-8,71	32,07	0,12
L24' x L26'	-	-	-	-	32,13	0,09
L24' x L27'	-17,89	33,93	2949,25	56,53	32,22	0,03
L24' x L28'	-	-	-	-	32,14	-0,01
L25' x L26'	-	-	-	-	32,03	0,17
L25' x L27'	-	-	-	-	31,96	-0,05
L25' x L28'	-	-	-	-	31,95	-0,01
L26' x L27'	-	-	-	-	32,07	-0,03
L26' x L28'	-	-	-	-	32,01	-0,04
L27' x L28'	-	-	-	-	32,09	-0,12

¹ Predições da capacidade específica de combinação em produção de grãos.

² BLUP's (acrescidos da média) do desempenho de híbridos não realizados para produção de grãos (PG) e capacidade de expansão (CE).

Tabela 13 – Correlações entre valores de híbridos preditos e observados para capacidade específica de combinação (na variável produção), produção de grãos e capacidade de expansão.

Variáveis	Pearson	Spearman	Coincidência
CEC _{pred} x CEC _{obs}	0,7234*	0,6364	100,00
PG _{pred} x PG _{obs}	0,5303	0,6727	66,67
CE _{pred} x CE _{obs}	0,8825**	0,8708	87,50

** * : Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t.

¹ Coincidência (%) na seleção dos 30% superiores.

Devido à inclusão do pedigree nas análises foi possível verificar correlação significativa ($r=0,72$) entre as CEC observadas e as previstas, havendo um ordenamento perfeito entre os cruzamentos de maiores CEC (Tabela13). Esta correlação foi superior a obtida por André (1999) ao avaliar a eficiência do BLUP na predição de híbridos em feijoeiro. O autor, utilizando informações de marcadores para estimação da matriz de parentesco, obteve correlação linear de 0,5968 entre valores preditos e os observados da CEC e correlação de Spearman de 0,6065. Iemma (2003), ao avaliar o emprego de modelos mistos na predição de híbridos em milho, encontrou correlação linear de 0,30.

A correlação entre o desempenho predito e o observado dos híbridos para produção ($r=0,53$) está dentro do intervalo de valores observado por Bernardo (1996a). Utilizando o procedimento de “cross validation” para avaliar a eficiência do BLUP em dialelos parciais entre linhagens de milho, o autor encontrou correlações que variaram de 0,49 a 0,76. Estes valores foram considerados moderadamente elevados, sugerindo que o BLUP, associado às estimativas de parentesco, pode ser uma alternativa viável na identificação de cruzamentos promissores, na cultura de milho. Entretanto, o autor ressalta que sua utilização em larga escala como método preditivo de cruzamentos não realizados necessita ser melhor pesquisada, principalmente quanto à quantidade e ao tipo de cruzamentos a serem utilizados como preditores, bem como aos modelos genéticos mais adequados. Bernardo (1994) observou que a eficiência na predição de cruzamentos não realizados aumentava à medida que se empregava um maior número de cruzamentos como preditores, assim como quando se incluía a variância de dominância no modelo. Contudo, Bernardo (1995) verificou que estas estimativas de correlação eram elevadas mesmo em situações em que o número de preditores utilizados era menor do que 20% do número de híbridos com desempenho a ser predito.

Quando não houve dominância (capacidade de expansão), a metodologia BLUP foi mais eficiente na predição dos valores de híbridos não realizados em comparação à presença de dominância (produção de grãos). A correlação entre os valores preditos e observados para capacidade de expansão foi altamente significativa ($r=0,88$), sendo coincidente sete dos oito melhores híbridos em ambas as análises.

4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ANDRÉ, C. M. G. **Avaliação da melhor predição linear não tendenciosa (BLUP) associada ao uso de marcadores moleculares na análise dialélica.** Dissertação (Mestrado) – UFLA, 1999, Lavras, 101p.
- ATKIN, F. C.; DIETERS, M. J.; STRINGER, J. K. **Impact of depth of pedigree and inclusion of historical data on the estimation of additive variance and breeding values in a sugarcane breeding program.** Theor Appl Genet v. 119, p. 555-565, 2009.
- 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.
- BERNARDO, R. **Prediction of maize single-cross performance using RFLPs and information from related hybrids.** Crop Science, Madison, v. 34, n. 1, p. 20-25, 1994.
- BERNARDO, R. **Genetic models for predicting maize performance in unbalanced yield trial data.** Crop Science , v.35, n.1 , p.141-147, 1995.
- BERNARDO, R. **Best linear unbiased prediction maize single-cross performance.** Crop Science, v. 35, p. 141-147, 1996a.
- BERNARDO, R. **Best linear unbiased prediction of maize single-cross performance given erroneous inbred relationship.** Crop Science, v.36, n.4, p.862-866, 1996b.
- CARVALHO, A. D. F.; FRITSCHÉ, R.; GERALDI, I. O. **Estimation and prediction of parameters and breeding values in soybean using REML/BLUP and Least Squares.** Crop Breeding and Applied Biotechnology, v. 8, p. 219-22, 2008.
- CRUZ, C. D.; VENCOVSKY, R. **Comparação de alguns métodos de análise dialélica.** Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto v. 12, n. 2, p. 425-438, 1989.
- DAVIK, J; HONNE, B. I. **Genetic variance and breeding values for resistance to a wind-borne disease [*Sphaerotheca macularis* (Wallr. ex Fr.)] in strawberry (*Fragaria 9 ananassa* Duch.) estimated by exploring mixed and spatial models and pedigree information.** Theoret Appl Genet v. 111, p. 256–264, 2005.
- DOFING, S. M.; D'CROZ-MASON, N.; THOMAS-COMPTON, M. A. **Inheritance of expansion volume and yield in two popcorn x dent corn crosses.** Crop Science, v. 31, p. 715-718, 1991.
- ELIAS, H. T.; CARVALHO, S. P.; ANDRÉ, C. G. M. **Comparação de testadores na avaliação de famílias S₂ de milho.** Pesq. agropec. bras, Brasília, v.35, n.6, p.1135-1142, 2000.
- FEDERER, W. T. **Experimental design – Theory and application.** New York: [s.n.], 544 p, 1955.

- FURLANI, R. C. M.; MORAES, M. L. T.; RESENDE, M. D. V.; FURLANI JUNIOR, E.; GONÇALVES, P. S.; VALÉRIO FILHO, W. V.; PAIVA, J. R. **Estimation of variance components and prediction of breeding values in rubber tree breeding using the REML/BLUP procedure.** Genetics and Molecular Biology, v.28, n.2, p. 271-276, 2005.
- GILMOUR, A. R.; CULLIS, B. R.; WELHAM, S. J.; THOMPSON, R. **ASReml Reference manual.** 2^o Edition. Release 1.0. Biomathematics and Statistics Department – Rothamsted Research, Harpenden – England, 2002. 187 p.
- HENDERSON, C R; KEMPTHORNE, O; SEARLE, S. R; VON KROSIGH, C. M. **The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling.** Biometrics, Washington, v.15, p.192, 1959.
- HENDERSON, C. R. **General flexibility of linear model techniques for sire evaluation.** Journal of Dairy Science, v. 57, p. 963,1974.
- HENDERSON, C. R. **Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model.** Biometrics, v.31, n. 2, p.423-447, 1975.
- HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding.** Ontario, University of Guelph, 1984, 462p.
- IEMMA, M. **Uso do melhor preditor linear não viesado (Blup) em análises dialélicas e predição de híbridos .** Dissertação (mestrado) - ESALQ/USP, 2003, Piracicaba, 81p.
- JARAMILLO, G.; MORANTE, N.; PÉREZ, J.C.; CALLE, F.; CEBALLOS, H.; ARIAS, B.; BELLOTTI, A.C. **Diallel analysis in cassava adapted to the midaltitude valleys environment.** Crop Science, v.45, p.1058-1063, 2005.
- LARISH, L. L. B.; BREWBAKER, J. L. **Diallel analyses of temperate and tropical popcorns.** Maydica, v.44, p.279-384, 1999.
- LU, P. X.; HUBER, D. A.; WHITE, T. L. **Potential biases of incomplete linear models in heritability estimation and breeding value prediction.** Can. J. For. Res. v.29, p.724-736, 1999.
- NEUNER, S.; EDEL, C.; EMMERLING, R.; THALLER, G.; GOTZ, K.-U. **Precision of genetic parameters and breeding values estimated in marker assisted BLUP genetic evaluation.** Genetics Selection Evolution , v. 41, n. 26, 2009.
- OLIVEIRA JÚNIOR, A.; MIRANDA, G. V.; CRUZ, C. D. **Predição de populações F3 a partir de dialelos desbalanceados.** Pesq. agropec. bras., Brasília, v.34, n.5, p.781-787, 1999.
- PANTER, D. M; ALLEN, F. L. **Using best linear unbiased predictions to enhance breeding for yield in soybean: I. choosing parents.** Crop Science v. 35, p. 397-405, 1995.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. **Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal.** Biometrika, v. 58, p. 545-554, 1971.

- PIEPHO, H.P.; MÖHRING, J. **Selection in cultivar trials-Is it ignorable?** Crop Science, 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, 2008.
- REIS, A. J. S.; CHAVES, L. J.; DUARTE, J. B.; BRASIL, E. M. **Prediction of hybrid means from a partial circulant diallel table using the ordinary least square and the mixed model methods.** Genetics and Molecular Biology, v.28, n.2, p. 314-320, 2005.
- RESENDE, M. D. V. **Melhoramento genético de essências florestais.** In: Simpósio sobre atualização em genética e melhoramento de plantas. Lavras, p.59-93, 1997.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes.** Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
- ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; XAVIER, A.; CRUZ, C.D. ROCHA, R. B. **Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus urophylla* utilizando os procedimentos REML/BLUP e E(QM).** Ciência Florestal, v. 16, n.4, p. 369-379, 2006.
- ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. **Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética.** Revista Árvore, v.31, n.6, p. 977-987, 2007.
- STOCK, K. F; HOESCHELE, I; DISTL, O. **Estimation of genetic parameters and prediction of breeding values for multivariate threshold and continuous data in a simulated horse population using Gibbs sampling and residual maximum likelihood.** J. Anim. Breed Genet, v. 124, p. 308-319, 2007.
- TOLEDO, J. F. F. de. **Mid parent and coefficient of parentage as predictors for screening among single crosses for their inbreeding potential.** Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, v.15, n.2, p.429-437, 1992.
- VALERIO, I. P.; CARVALHO, F. I. F. ; OLIVEIRA, A. C.; SOUZA, V. Q.; BENIN, G.; SCHMIDT, D. A. M.; RIBEIRO, G.; NORNBORG, R.; LUCH, H. **Combining ability of wheat genotypes in two models of diallel analyses.** Crop Breeding and applied Biotechnology, v. 9, p. 100-107, 2009.
- VENCOVSKY, R. **Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades.** Piracicaba. Tese (Livre-Docência em Genética e Melhoramento de Plantas) – ESALQ/USP, 1970, 59p
- VIANA, J. M. S. **The parametric restrictions of the Griffing diallel analysis model: combining ability analysis.** Genetics and Molecular Biology, v. 23, n. 4, p. 877-881, 2000.

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, 2010a. (accepted for publication).

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, 2010b. (accepted for publication).

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. **Predicting breeding values with applications in Forest tree improvement.** Dordrecht, Netherlands: Kluwer Academic, 1989. 367p.

ANEXOS

Anexo 1 - Rotina utilizada no software ASREML para análise dialélica da população Beija-Flor (Para Viçosa seguiu-se o mesmo modelo).

```
BLUP analysis, diallel w/18 inbred lines of BF (linha de título)
gm 123 !P
gf 123 !P
env 10
blo 5
pop 2
s
m
y
evm
evmwvt
bfaced.txt !make
AmatrixBF.grm
DmatrixBF.grm
bfac.asd
!continue
!maxit 30
!mvremove
!aising
#evm ~ mu env env.blo pop !r gm and(gf) gm.gf -env.gf env.gm and(env.gf) env.gm.gf !f mv
y ~ mu env env.blo pop s m !r gm and(gf) gm.gf -env.gf env.gm and(env.gf) env.gm.gf !f mv
```

Anexo 2 – Pedigree utilizado na análise dialélica da população Beija-Flor.

Indivíduo	Pai	Mãe	Indivíduo	Pai	Mãe	Indivíduo	Pai	Mãe
1
2	.	.	43	27	27	84	66	66
3	.	.	44	28	28	85	67	67
4	.	.	45	29	29	86	68	68
5	.	.	46	30	30	87	69	69
6	.	.	47	31	31	88	70	70
7	.	.	48	32	32	89	71	71
8	.	.	49	33	33	90	72	72
9	.	.	50	34	34	91	73	73
10	.	.	51	35	35	92	74	74
11	.	.	52	36	36	93	75	75
12	.	.	53	37	37	94	76	76
13	.	.	54	38	38	95	77	77
14	.	.	55	39	39	96	78	78
15	1	1	56	36	36	97	79	79
16	2	2	57	40	40	98	80	80
17	3	3	58	41	41	99	81	81
18	4	4	59	42	42	100	82	82
19	5	5	60	43	43	101	83	83
20	6	6	61	44	44	102	84	84
21	7	7	62	45	45	103	85	85
22	8	8	63	46	46	104	86	86
23	9	9	64	47	47	105	87	87
24	10	10	65	48	48	106	88	88
25	11	11	66	49	49	107	89	89
26	12	12	67	50	50	108	90	90
27	13	13	68	51	51	109	91	91
28	14	14	69	52	52	110	92	92
29	15	15	70	53	53	111	93	93
30	16	16	71	54	54	112	94	94
31	17	17	72	55	55	113	95	95
32	18	18	73	56	56	114	96	96
33	19	19	74	57	57	115	97	97
34	20	20	75	58	58	116	.	.
35	21	21	76	59	59	117	.	.
36	21	21	77	60	60	118	.	.
37	22	22	78	46	46	119	.	.
38	23	23	79	61	61	120	.	.
39	24	24	80	62	62	121	.	.
40	20	20	81	63	63	122	.	.
41	25	25	82	64	64	123	.	.
42	26	26	83	65	65			
...			

Anexo 3 – Output do software ASREML para análise dialélica em Beija Flor.

ASReml 2.00a [01 Jul 2006] BLUP analysis, diallel w/18 inbred lines of BF

21 Jan 2010 16:54:38.328 1000.00 Mbyte Windows BFac

gm 123 !P

gf 123 !P

Reading pedigree file bfacped.txt : skipping 0 lines

Using an adapted version of Meuwissen & Luo GSE 1992 305-313: Specify !METHOD 1 for column method.

Pedigree check: 1 1 occurs as Sire and Dam: Line 15 2 3 1 15

Pedigree check: 2 2 occurs as Sire and Dam: Line 16 2 3 2 16

Pedigree check: 3 3 occurs as Sire and Dam: Line 17 2 3 3 17

Pedigree check: 4 4 occurs as Sire and Dam: Line 18 2 3 4 18

Pedigree check: 5 5 occurs as Sire and Dam: Line 19 2 3 5 19

Pedigree check: 6 6 occurs as Sire and Dam: Line 20 2 3 6 20

Pedigree check: 7 7 occurs as Sire and Dam: Line 21 2 3 7 21

Pedigree check: 8 8 occurs as Sire and Dam: Line 22 2 3 8 22

Pedigree check: 9 9 occurs as Sire and Dam: Line 23 2 3 9 23

Pedigree check: 10 10 occurs as Sire and Dam: Line 24 2 3 10 24

97 individuals appear as both male and female parent

PEDIGREE [bfacped.txt] has 123 identities, 224 Non zero elements

QUALIFIERS: !CONTINUE

QUALIFIERS: !MAXIT 30

QUALIFIERS: !MVREMOVE

Reading bfac.asd FREE FORMAT skipping 0 lines

Univariate analysis of evm

Using 673 records of 673 read

Warning: 1 records were read from multiple lines

Check fields per line and line length (max4096)

Model term	Size	#miss	#zero	MinNo	n0	Mean	MaxNono
1 gm	!P 123	0	0	98		106	122
2 gf	!P 123	0	0	99		109	123
3 env	9	0	0	1		4.96	9
4 blo	5	0	0	1		2.28	4
5 pop	2	0	0	1		1.1	2
6 s		401	0	13		61.5	117
7 m		400	0	12.2		13.7	16.8
8 y		400	0	944.4		2650	4389
9 evm	Variate	97	0	15		29.5	40.7
10 evmwvt		99	0	13		28	100
11 mu	1						
12 env.blo	45 3 env			: 9	4	blo	: 5
13 and(gf)	123						
14 gm.gf	15129 1 gm		:	123	2	gf	: 123
15 env.gf	1107 3 env		:	9	2	gf	: 123
16 env.gm	1107 3 env		:	9	1	gm	: 123

```

17 and(env.gf)      1107
18 env.gm.gf      136161 3 env      :      9 15 gm.gf      :1 5129
19 mv_estimates    97

```

Notice: ASReml assumes env.gm and and(env.gf) have the same levels in the same order.

Forming 152674 equations: 57 dense.

Initial updates will be shrunk by factor 0.183

Restarting iteration from previous solution

Notice: 33 singularities detected in design matrix.

```

1 LogL=-1044.57 S2= 9.9327 552 df
2 LogL=-1043.19 S2= 10.036 552 df
3 LogL=-1041.49 S2= 10.255 552 df
4 LogL=-1040.96 S2= 10.420 552 df
5 LogL=-1040.81 S2= 10.492 552 df
6 LogL=-1040.77 S2= 10.485 552 df
7 LogL=-1040.76 S2= 10.480 552 df
8 LogL=-1040.75 S2= 10.477 552 df
9 LogL=-1040.75 S2= 10.475 552 df
10 LogL=-1040.75 S2= 10.474 552 df
11 LogL=-1040.75 S2= 10.473 552 df

```

Source	Model	terms	Gamma	Component	Comp/SE	%	C
gm	123	123	4.57E-02	0.47889	1.48	0	P
gm.gf	15129	15129	4.55E-02	0.476632	0.93	0	P
env.gm	1107	1107	1.32E-02	0.13845	0.57	0	P
env.gm.gf	136161	136161	0.287956	3.01589	2.46	0	P
Variance	673	552	1	10.4734	13.36	0	P

```

Analysis of Variance      NumDF      F_inc
12 mu                    1          3572.70
13 env                    5           64.57
13 env.blo                17           2.66
15 pop                     1           6.61
1 gm                      123 effects fitted
20 mv_estimates           97 effects fitted
15 gm.gf                  15129 effects fitted ( 14437 are zero)
17 env.gm                  1107 effects fitted ( 591 are zero)
19 env.gm.gf              136161 effects fitted ( 135964 are zero)
Finished: 21 Jan 2010 16:54:47.234 LogL Converged

```

Anexo 4 – Exemplo de Output dos valores genéticos preditos pelo software ASREML, para análise dialéctica das linhagens de Beija-Flor.

pop	1	0	0
pop	2	2.73	1.062
env.blo	1.001	0	0
...			
env.blo	1.005	0	0
...			
env.blo	9.005	0	0
env	1	0	0
...			
env	9	-13.2	1.157
mu	1	34.08	1.056
gm	1	0.2181	0.5828
...			
gm	123	-4.81E-02	0.6536
mv_estimates	1	34.94	3.599
...			
mv_estimates	97	32.47	3.904
gm.gf	1.000001	0	0.695
...			
gm.gf	1.000123	0	0.695
...			
gm.gf	123.000123	0	0.695
env.gm	1.000001	-4.44E-02	0.361
...			
env.gm	1.000123	9.93E-03	0.3711
...			
env.gm	9.000123	0	0.3746
env.gm.gf	1.000001	0	1.733
...			
env.gm.gf	1.000123	0	1.733
....			
env.gm.gf	1107.000123	0	1.733

Anexo 5 - Rotina utilizada no software ASREML para avaliação *per se* das linhagens de Beija-Flor (Para Viçosa seguiu-se o mesmo modelo).

```
BLUP analysis, FS6 BF (linha de título)
fam 18 !p
season 6
rep 13
s
y
ev
bfaced.txt !make
fs6bf.asd
!ddf
!continue
!maxit 30
!mvremove
ev ~ mu rep season !r season.fam fam
#y ~ mu rep season s !r season.fam fam
```

Anexo 6 - Output do software ASREML para avaliação *per se* em Beija Flor.

```

ASReml 3.0 [01 Jan 2009]   BLUP analysis, FS6 BF
  Build fl [ 2 Sep 2009]   32 bit
15 Feb 2010 10:41:25.812   32 Mbyte Windows fs6bf
Licensed to: Universidade Federal de Viçosa   30-sep-2010
*****
* Contact support@asreml.co.uk for licensing and support *
***** ARG *
  fam 18 !P

Notice: Some Pedigree options have changed in ASReml 3
bfaced.txt !MAKE
Reading pedigree file bfaced.txt: skipping           0 lines
Pedigree check: Sire 1  previously occurred as a Dam. Now at line 15: 15 1 1
Pedigree check: Sire 2  previously occurred as a Dam. Now at line 16: 16 2 2
Pedigree check: Sire 3  previously occurred as a Dam. Now at line 17: 17 3 3
Pedigree check: Sire 4  previously occurred as a Dam. Now at line 18: 18 4 4
Pedigree check: Sire 5  previously occurred as a Dam. Now at line 19: 19 5 5
Pedigree check: Sire 6  previously occurred as a Dam. Now at line 20: 20 6 6
Pedigree check: Sire 7  previously occurred as a Dam. Now at line 21: 21 7 7
Pedigree check: Sire 8  previously occurred as a Dam. Now at line 22: 22 8 8
Pedigree check: Sire 9  previously occurred as a Dam. Now at line 23: 23 9 9
Pedigree check: Sire 10 previously occurred as a Dam. Now at line 24: 24 10
10
  97 individuals appear as both male and female parent
  123 identities in the pedigree over 6 generations
  Assuming first parent is Female Parent ,
    FemP  FemPofFemP  MalePofFemP      MaleP  FemPofMaleP  MalePofMaleP
    97      79      79      97      79      79
Using an adapted version of Meuwissen & Luo GSE 1992 305-313:
PEDIGREE [bfaced.txt ] has      123 identities,      224 Non zero elements
GIV0 Ainverse      123      7      -254.39
QUALIFIERS: !DDF
QUALIFIERS: !CONTINUE
QUALIFIERS: !MAXIT 30
QUALIFIERS: !MVREMOVE
Reading fs6bf.asd FREE FORMAT skipping           0 lines

Univariate analysis of y
Summary of 260 records retained of 275 read

  Model term                Size #miss #zero   MinNon0   Mean   MaxNon0
StndDevn
  1 fam                    !P    123     0     0     98     106     115
  2 season                  6     0     0     1     3.6923  6
  3 rep                     13    0     0     1     3.9077  13
  4 s                       0     0     0     1.000  5.435   29.00
4.859
  5 y                      Variate  0     0    37.22  494.1   3845.
584.4
  6 ev                      30    0    18.67  34.82   50.00
6.032
  7 mu                      1
  8 season.fam              738  2 season : 6  1 fam      :
123
Forming      882 equations:  21 dense.
Initial updates will be shrunk by factor    0.183
Restarting iteration from previous solution
Notice: Algebraic Denominator DF calculation is not available
      Numerical derivatives will be used.
Notice:      2 singularities detected in design matrix.
  1 LogL=-1430.16      S2= 35409.      241 df    0.9349E-01 0.1021
1.000

  2 LogL=-1430.16      S2= 35409.      241 df    0.9349E-01 0.1021
1.000

```

3 LogL=-1430.16 S2= 35409. 241 df 0.9349E-01 0.1022
1.000

4 LogL=-1430.16 S2= 35409. 241 df 0.9349E-01 0.1022
1.000

Final parameter values 0.93490E-010.10215 1.0000

- - - Results from analysis of y - - -

Approximate stratum variance decomposition

Stratum	Degrees-Freedom	Variance	Component	Coefficients		
fam	13.59	174011.	30.3	10.6	1.0	
season.fam	25.93	74744.1	0.0	10.9	1.0	
Residual Variance	201.48	35409.0	0.0	0.0	1.0	

Source	Model	terms	Gamma	Component	Comp/SE	% C
fam	123	123	0.934903E-01	3310.40	1.44	0 P
season.fam	738	738	0.102152	3617.09	1.87	0 P
Variance	260	241	1.00000	35409.0	10.04	0 P

Wald F statistics

Source of Variation	NumDF	DenDF	F-inc	P-inc
7 mu	1	12.7	290.41	<.001
3 rep	12	211.8	6.07	<.001
2 season	5	34.4	16.18	<.001
4 s	1	235.0	1082.66	<.001

Notice: The DenDF values are calculated ignoring fixed/boundary/singular variance parameters using numerical derivatives.

1 fam 123 effects fitted (8 are zero)
8 season.fam 738 effects fitted (293 are zero)

6 possible outliers: see .res file

Finished: 15 Feb 2010 10:41:26.281 LogL Converged

Anexo 7 - Exemplo de Output dos valores genéticos preditos pelo software ASREML para avaliação *per se* das linhagens de Beija-Flor.

s	1	105.5	3.207
season	1	0.000	0.000
...			
season	6	31.05	75.60
rep	1	0.000	0.000
...			
rep	13	9.795	196.3
mu	1	-147.1	64.49
fam	1	-16.35	49.73
...			
fam	123	0.000	57.54
season.fam	1.000001	-18.85	54.81
...			
season.fam	1.000123	0.000	60.14
...			
season.fam	6.000123	0.000	60.14