



*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
Centro Nacional de Pesquisa de Florestas  
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

ISSN 1517-536X

Dezembro, 2002

## **Documentos**

### **Software**

### **SELEGEN - REML/BLUP**

Marcos Deon Vilela de Resende

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

**Embrapa Florestas**

Estrada da Ribeira, km 111 - CP 319

83411-000 - Colombo, PR - Brasil

Fone: (41) 666-1313

Fax: (41) 666-1276

Home page: [www.cnpf.embrapa.br](http://www.cnpf.embrapa.br)

E-mail: [sac@cnpf.embrapa.br](mailto:sac@cnpf.embrapa.br)

Para reclamações e sugestões *Fale com o ouvidor:*

[www.embrapa.br/ouvidor](http://www.embrapa.br/ouvidor)

**Comitê de Publicações da Unidade**

Presidente: Moacir José Sales Medrado

Secretária-Executiva: Guiomar Moreira Braguinha

Membros: Antônio Carlos de S. Medeiros, Edilson B. de Oliveira,

Erich G. Schaitza, Honorino R. Rodigheri, Jarbas Y. Shirni;u.

José Alfredo Sturion, Patricia P. de Mattos, Sérgio Ahrens, Susete

do Rocio C. Penteado

Supervisor editorial: Moacir José Sales Medrado

Revisor de texto: Glaci Kokuka

Normalização bibliográfica: Elizabeth Câmara Trevisan

Lidia Woronkoff

Editoração eletrônica: Cleide Fernandes de Oliveira

Iª edição

Iª impressão (2002): 500 exemplares

Todos os **direitos** reservados.

A reprodução não-autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei no 9.610).

CIP-Brasil. Catalogação-na-publicação.

*Embrapa Florestas*

---

Resende, Marcos Deon Vilela de

Software SELEGEN – REML/BLUP / Marcos Deon Vilela de

Resende. – Colombo : Embrapa Florestas, 2002.

67 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 77).

Inclui bibliografia

ISSN 1517-536X

1. Software-SELEGEN. I. Resende, Marcos Deon Vilela de. II. Título. III. Série.

CDD 005.3

## **Autor**

**Marcos Deon Vilela de Resende**

Engenheiro-agrônomo, Doutor, Pesquisador da Embrapa Florestas.

[deon@cnpf.embrapa.br](mailto:deon@cnpf.embrapa.br)

## Apresentação

O presente documento contempla o aplicativo computacional Selegen-Reml/Blup destinado à seleção genética no contexto do melhoramento de plantas. Fundamentado em procedimentos ótimos de estimação de componentes de variância e de predição de valores genéticos, o referido software conduz à maximização da eficiência dos programas de melhoramento genético de várias categorias de plantas, tais quais: (i) espécies florestais (como o eucalipto, o pinus, a acácia-negra, a seringueira, a leucena, a grevilea, a teca, o mogno); (ii) espécies produtoras de alimentos estimulantes contendo os alcalóides cafeína e teobromina (como o café, o cacau, a erva-mate, o guaraná, o chá-da-índia); (iii) palmáceas, produtoras de palmitos, óleos e frutos comestíveis (como o dendê, o coco, a pupunha, o açaí, a juçara, a palmeira-real, a tamareira); (iv) fruteiras (como a acerola, o caju, o cupuaçu, a maçã, a graviola, a pinha); (v) espécies forrageiras (como o capim elefante, a braquiária, o panicum, o estilosantes, a alfafa); (vi) espécies energéticas (como a cana-de-açúcar, a mandioca); (vii) espécies hortícolas ou olerícolas (como a batata, o morango); (viii) espécies anuais (produtoras de grãos, como cereais e outras). É recomendado o seu uso em associação com o livro *Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes*, de autoria do mesmo pesquisador.

Vitor Afonso Hoeflich  
Chefe Geral  
Embrapa Florestas

## Sumário

INTRODUÇÃO .....	11
CARACTERÍSTICAS GERAIS E TELA INICIAL .....	12
MODELOS ESTATÍSTICOS .....	14
Modelo 1. Blocos ao acaso, progênies de meios irmãos, várias plantas por parcela .....	15
Modelo 2. Blocos ao acaso, teste de clones não aparentados, várias plantas por parcela .....	16
Modelo 3. Blocos ao acaso, teste de clones não aparentados, várias plantas por parcela, vários locais .....	17
Modelo 4. Blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela, vários locais .....	18
Modelo 5. Blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela, várias populações .....	19
Modelo 6. Látice, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela .....	20
Modelo 7. Látice, teste de clones não aparentados, várias plantas por parcela .....	21
Modelo 8. Blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela, medidas repetidas .....	22
Modelo 9. Blocos, teste de clones não aparentados, várias plantas por parcela, medidas repetidas .....	23
Modelo 10. Látice, progênies de meios-irmãos, uma planta por parcela, vários locais .....	24

Modelo 11. Látice, teste de clones não aparentados, uma planta por parcela, vários locais .....	25
Modelo 12. Látice, teste de clones não aparentados, várias plantas por parcela, vários locais .....	26
Modelo 13. Látice, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela, vários locais .....	27
Modelo 14. Blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela, várias populações, vários locais .....	28
Modelo 15. Látice, progênies de meios irmãos, uma planta por parcela .....	29
Modelo 16. Látice, teste de clones não aparentados, uma planta por parcela .....	30
Modelo 17. Látice, teste de linhagens de autógamas ou híbridos, média por parcela .....	31
Modelo 18. Blocos ao acaso, teste de linhagens de autógamas ou híbridos, várias plantas por parcela .....	32
Modelo 19. Blocos ao acaso, progênies de meios irmãos, uma planta por parcela .....	33
Modelo 20. Blocos ao acaso, teste de clones não aparentados, uma planta por parcela .....	34
Modelo 21. Blocos ao acaso, teste de linhagens de autógamas ou híbridos, média por parcela .....	35
Modelo 22. Blocos ao acaso, progênies de meios irmãos, uma planta por parcela, vários locais .....	36
Modelo 23. Blocos ao acaso, teste de clones não aparentados, uma planta por parcela, vários locais .....	37
Modelo 24. Blocos ao acaso, teste de populações ou procedências, várias plantas por parcela .....	38
Modelo 25. Blocos ao acaso, teste de linhagens de autógamas ou híbridos, média de parcela, vários locais .....	39
Modelo 27. Blocos ao acaso, teste de híbridos, várias plantas por parcela, medidas repetidas .....	40
Modelo 28. Blocos ao acaso, teste de híbridos, média de parcela, medidas repetidas .....	41
Modelo 29. Blocos ao acaso, teste de clones não aparentados, média de parcela, medidas repetidas .....	42

Modelo 30. Blocos ao acaso, teste de clones aparentados, uma planta por parcela .....	43
Modelo 31. Blocos ao acaso, teste de clones aparentados, uma planta por parcela, vários locais .....	44
Modelo 32. Látice, teste de clones aparentados, uma planta por parcela, vários locais .....	45
Modelo 33. Blocos ao acaso, teste de progênies de polinização controlada (genitores não aparentados), várias plantas por parcela .....	46
Modelo 34. Blocos ao acaso, teste de progênies de polinização controlada (genitores não aparentados), uma planta por parcela, vários locais .....	47
Modelo 35. Látice, teste de progênies de polinização controlada (genitores não aparentados), uma planta por parcela .....	48
Modelo 36. Blocos ao acaso, teste de progênies de polinização controlada (genitores não aparentados), uma planta por parcela .....	49
Modelo 37. Blocos ao acaso, teste de progênies de polinização controlada (genitores não aparentados), várias plantas por parcela, vários locais .....	50
Modelo 38. Látice, teste de progênies de polinização controlada (genitores não aparentados), várias plantas por parcela .....	51
Modelo 39. Látice, teste de progênies de polinização controlada (genitores não aparentados), uma planta por parcela, vários locais .....	52
Modelo 40. Blocos ao acaso, teste de progênies de polinização controlada (genitores aparentados), várias plantas por parcela .....	53
Modelo 41. Blocos ao acaso, teste de progênies de polinização controlada (genitores aparentados), uma planta por parcela, vários locais .....	54
Modelo 42. Látice, teste de progênies de polinização controlada (genitores aparentados), uma planta por parcela .....	55
Modelo 43. Blocos ao acaso, teste de progênies de polinização controlada (genitores aparentados), uma planta por parcela .....	56
Modelo 44. Blocos ao acaso, teste de progênies de polinização controlada (genitores aparentados), várias plantas por parcela, vários locais .....	57
Modelo 45. Látice, teste de progênies de polinização controlada (genitores aparentados), várias plantas por parcela .....	58
Modelo 46. Látice, teste de progênies de polinização controlada (genitores aparentados), uma planta por parcela, vários locais .....	59

10 | I Software **SELEGEN- REMLIBLUP**

Modelo 47. Blocos ao acaso, teste de clones aparentados, várias plantas por parcela .....	60
Modelo 48. Látice, teste de clones aparentados, uma planta por parcela ...	61
Modelo 49. Látice, teste de clones aparentados, várias plantas por parcela	62
Modelo 50. Blocos ao acaso, teste de clones aparentados, várias plantas por parcela, vários locais .....	63
APÊNDICE: SUMÁRIO DOS MODELOS .....	<b>64</b>
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	67



# Software SELEGEN - REML/BLUP

*Marcos Deon Vilela de Resende*

## Introdução

A avaliação genética dos candidatos à seleção é um processo fundamental ao melhoramento genético de plantas e animais. Em plantas perenes, a seleção propriamente dita deve basear-se nos valores genéticos aditivos (quando o interesse é a propagação sexuada dos indivíduos selecionados) e genotípicos (quando o interesse é a propagação assexuada dos indivíduos selecionados) preditos de todos os indivíduos avaliados em campo. As técnicas ótimas de avaliação genética envolvem simultaneamente a predição de valores genéticos e a estimação de componentes de variância, sob modelos estatísticos em nível de indivíduos.

O procedimento ótimo e padrão para predição de valores genéticos é o BLUP (melhor predição linear não viciada) individual, usando estimativas de componentes de variância obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) sob modelo individual. Para o caso de dados balanceados, o procedimento REML/BLUP individual foi relatado por Resende & Higa (1994), através do índice multifeitos incluindo todos os efeitos aleatórios do modelo estatístico, usando componentes de variância estimados via análise de variância. Este procedimento foi incorporado ao software SELEGEN (Resende et al., 1994). É importante relatar que, para o caso balanceado, o procedimento BLUP individual é equivalente ao método do índice multifeitos e os métodos REML e análise de variância produzem estimativas idênticas para os componentes de variância.

A presente versão do software, denominada SELEGEN - REMLIBLUP, atende de maneira ótima aos casos desbalanceado e balanceado. Adotando modelos ao nível individual fornece: (i) valores genéticos aditivos e de dominância preditos; (ii) valores genotípicos preditos; (iii) estimativas de componentes de variância; (iv) ordenamento dos candidatos a seleção segundo valores genéticos aditivos ou genotípicos; (v) estimativas de ganhos genéticos; (vi) estimativas do tamanho efetivo populacional; (vii) estimativas da interação genótipo x ambiente; (viii) estimativas do valor genético de cruzamentos. Abrange os delineamentos experimentais de blocos ao acaso e látice (e com adaptações contempla também o delineamento de blocos aumentados), os delineamentos de cruzamento em polinização aberta (progênies de meios irmãos) e controlada (progênies de irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos desbalanceados, híbridos) bem como testes clonais, uma ou várias populações, experimentos repetidos em vários locais, uma ou várias plantas por parcela, presença ou ausência de medidas repetidas. Emprega os modelos, estimadores e preditores apresentados por Resende (1999; 2000; 2002) e pode ser utilizado para plantas alógamas, autógamas e com sistema reprodutivo misto. Direcionado a espécies perenes e semiperenes, pode também ser empregado em espécies anuais. Com adaptações, pode também ser empregado no melhoramento animal.

## **Características Gerais e Tela Inicial**

A configuração mínima exigida pelo Selegen-Reml/Blup é de 256 MB de memória RAM. No entanto, para modelos mais complexos (mais de um efeito aleatório adicional em relação aos valores genéticos e ao erro, e milhares de níveis em cada efeito aleatório) deve-se ter uma memória RAM acima 1 GB.

Utiliza arquivos salvos diretamente no Excel com extensão .txt (texto-DOS) ou .prn (separado por espaços) e separação de decimais por ponto. Após a informação do nome do arquivo, o usuário deve informar: (i) se os valores zero devem ser desconsiderados (plantas mortas, por exemplo) ou considerados (variáveis binomiais, por exemplo); (ii) se deseja apenas realizar a predição de valores genéticos usando valores conhecidos de componentes de variância (procedimento BLUP), realizar simultaneamente a estimação de componentes de variância e a predição de valores genéticos (procedimento REMLIBLUP), ou

realizar a análise de resíduos (verificação da normalidade, homogeneidade de variâncias, aditividade, presença de dados discrepantes, diagnóstico da dependência espacial e necessidade de análise espacial) ; (iii) número de variáveis presentes no arquivo; (iv) ordem da variável a ser analisada de acordo com as colunas de variáveis nos arquivo; (v) o modelo de análise de acordo com a estrutura de experimentação e tipo de material genético utilizado; (vi) valores iniciais para a herdabilidade e outros parâmetros (coeficiente de determinação dos efeitos de parcela -  $c_2$ , etc ...), sendo que a soma dos vários valores requisitados não deve ultrapassar 1 e cada valor deve ser igualou superior a 0.01 (valores mais coerentes atribuídos conduzem a maior rapidez de processamento); (vii) taxa de erro no processo de convergência para a herdabilidade e componentes  $c_2$ . Os parâmetros  $c_2$ ,  $c_{21}$  e  $c_{22}$  solicitados pelo programa referem-se aos efeitos aleatórios do modelo segundo a ordem das colunas destes efeitos no arquivo de dados. A caracterização do arquivo de dados de acordo com o modelo, bem como dos resultados associados, é apresentada na seqüência. O arquivo de resultados mantém o nome do arquivo original porém com a extensão .RES. Um resumo dos modelos contemplados pelo software é apresentado em apêndice.

## MODELOS ESTATÍSTICOS

### **Modelo 1. Blocos ao acaso, progênies de meios irmãos, várias plantas por parcela**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Progênie, Bloco, Parcela, Árvore, Variáveis. A primeira linha do arquivo é ignorada, de forma que tais colunas podem conter quaisquer nomes. A numeração fornecida aos indivíduos (primeira coluna do arquivo de dados) deve ser sempre superior aos números fornecidos a progênie (segunda coluna do arquivo de dados).

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Ve: variância residual dentro de parcelas (ambiental + não aditiva);

Vf: variância fenotípica individual;

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

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

h2mp: herdabilidade da média de progênie (com sementes remanescentes);

Acprog: acurácia da seleção de progênies (com sementes remanescentes) e genitores;

h2ad: herdabilidade aditiva dentro de parcela;

Média geral do experimento.

## 2. Componentes de Média (*BLUP Individual*)

### Seleção de Indivíduos

Ordem	Bloc	Fam	Arv	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	Ne	d	g
1	2	303	2	104.00	16.01	68.28	16.01	68.28	1.00	5.67	21.68
2	5	363	4	113.00	14.45	66.72	15.23	67.50	2.00	6.36	20.81
3	3	303	2	98.00	14.30	66.57	14.92	67.19	2.48	4.53	18.83
4	5	303	2	100.00	14.18	66.45	14.73	67.01	2.67	4.45	18.63
5	2	353	4	105.00	14.09	66.37	14.61	66.88	3.66	5.63	19.73

### Seleção de Genitores

Ordem	Genitor	a	Ganho	Nova Média
1	323	16.83	16.83	69.10
2	303	15.01	15.92	68.19
3	375	12.59	14.81	67.08
4	353	11.29	13.93	66.20
5	304	10.41	13.23	65.50

### Seleção com Sobreposição de Gerações

Ordem	Bloc	Fam	Arv	a	Ganho	Nova Média
	0	323	0	16.83	16.83	69.10
2	2	303	2	16.42	16.42	68.69
3	0	303	0	15.95	15.95	68.22
4	5	363	4	15.58	15.58	67.85
5	3	303	2	15.32	15.32	67.59

As seguintes quantidades são definidas:

f: valor fenotípico individual ou medição de campo;

a: efeito genético aditivo predito;

u + a: valor genético aditivo predito;

Ne: tamanho efetivo populacional;

d: efeito genético de dominância predito (supondo determinado grau médio de dominância no caso de progênies de meios irmãos);

g = a + d: efeito genotípico predito.

## **Modelo 2. Blocos ao acaso, teste de clones não aparentados, várias plantas por parcela**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Bloco, Parcela, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Vg: variância genotípica entre clones;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Ve: variância residual dentro de parcelas (ambiental);

Vf: variância fenotípica individual;

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

h2mc: herdabilidade da média de clone, assumindo estande completo;

Acclon: acurácia da seleção de clones, assumindo estande completo;

Média geral do experimento.

### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Seleção de Clones

<b>Ordem</b>	<b>Clone</b>	<b>g</b>	<b>Ganho</b>	<b>Nova Média</b>
1	2399	14.06	14.06	66.26
2	2381	12.00	13.03	65.23
3	2442	10.83	12.30	64.49
4	2382	10.14	11.76	63.96
5	2423	9.75	11.36	63.55

### **Modelo 3. Blocos ao acaso, teste de clones não aparentados, várias plantas por parcela, vários locais**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Bloco, Parcela, Interação, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Vg: variância genotípica entre clones, livre da interação genótipo x ambiente;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vint: variância da interação clone x local;

Ve: variância residual dentro de parcelas (ambiental);

Vf: variância fenotípica individual;

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação clone x local;

h2mc: herdabilidade da média de clone, assumindo estande completo;

Acclon: acurácia da seleção de clones, assumindo estande completo;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 2.

#### **Modelo 4. Blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela, vários locais**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Progênie, Bloco, Parcela, Interação, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

##### **1. Componentes de Variância (REML Individual)**

Va: variância genética aditiva, livre da interação genótipo x ambiente;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vint: variância da interação progênie x local;

Ve: variância residual dentro de parcelas (ambiental + genética não aditiva);

Vf: variância fenotípica individual;

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

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênie x local;

h2mp: herdabilidade da média de progênie, assumindo estande completo;

Acprog: acurácia da seleção de progênies ou genitores, assumindo estande completo;

h2ad: herdabilidade aditiva dentro de parcela;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

##### **2. Componentes de Média (BLUP Individual)**

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 1.



### **Modelo 5. Blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela, várias populações**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Progênie, Bloco, Parcela, Procedência, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### **1. Componentes de Variância (REML Individual)**

Va: variância genética aditiva;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vproc: variância genética entre procedências ou populações;

Ve: variância residual dentro de parcelas (ambiental + genética não aditiva);

Vf: variância fenotípica individual;

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

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2proc: coeficiente de determinação dos efeitos de procedência;

Média geral do experimento.

#### **2. Componentes de Média (BLUP Individual)**

Apresenta o ordenamento de procedências por meio de seus valores genotípicos preditos ( $u + g$ ) e demais resultados de maneira similar à apresentada para o modelo 1. Os efeitos e valores genéticos aditivos apresentados para os indivíduos e matrizes já se encontram somados aos efeitos preditos de procedências.

### **Modelo 6. Látice, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Progênie, Repetição, Parcela, Bloco, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vbloc: variância entre blocos;

Ve: variância residual dentro de parcelas (ambiental + genética não aditiva);

Vf: variância fenotípica individual;

h2a: herdabilidade individual no sentido restrito na repetição, ou seja, dos efeitos aditivos;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLU? Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 1.

## **Modelo 7. látice, teste de clones não aparentados, várias plantas por parcela**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Repetição, Parcela, Bloco, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Vg: variância genotípica entre clones;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vbloc: variância entre blocos;

Ve: variância residual dentro de parcelas (ambiental);

Vf: variância fenotípica individual;

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

Média geral do experimento.

### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 2.

### **Modelo 8. Blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela, medidas repetidas**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Progênie, Bloco-Medição, Parcela, Permanente, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vperm: variância permanente dentro de parcela (ambiente + genética não aditiva);

Ve: variância residual dentro de parcelas (ambiente temporário);

Vf: variância fenotípica individual;

h2a: herdabilidade individual no sentido restrito no bloco em uma dada medição;

r: repetibilidade individual no bloco;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2perm: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 1.

### **Modelo 9. Blocos, teste de clones não aparentados, várias plantas por parcela, medidas repetidas**

O arquivo de dados *deve* apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Bloco-Medição, Parcela, Permanente, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Vg: variância genotípica entre clones;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vperm: variância ambiental permanente dentro de parcela;

Ve: variância residual dentro de parcelas (ambiental);

Vf: variância fenotípica individual;

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco em uma dada medição;

r: repetibilidade individual no bloco;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2perm: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLU? Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 2.

### **Modelo 10. Látice, progênies de meios-irmãos, uma planta por parcela, vários locais**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Progênie, Repetição, Bloco, Interação, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva, livre da interação genótipo x ambiente;

Vbloc: variância entre blocos;

Vint: variância da interação progênie x local;

Ve: variância residual dentro de parcelas (ambiental + genética não aditiva);

Vf: variância fenotípica individual;

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

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênie x local;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 1.

### **Modelo 11. Látice, teste de clones não aparentados, uma planta por parcela, vários locais**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Repetição, Bloco, Interação, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### ***t. Componentes de Variância (REML Individual)***

Vg: variância genotípica entre clones, livre da interação genótipo x ambiente;

Vbloc: variância entre blocos;

Vint: variância da interação clone x local;

Ve: variância residual dentro de parcelas (ambiental);

Vf: variância fenotípica individual;

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação clone x local;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

#### ***2. Componentes de Média (BLUP Individual)***

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 2.

### **Modelo 12. látice, teste de clones não aparentados, várias plantas por parcela, vários locais**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Repetição, Parcela, Bloco, Interação, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Vg: variância genotípica entre clones, livre da interação genótipo x ambiente;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vbloc: variância entre blocos;

Vint: variância da interação clone x local;

Ve: variância residual dentro de parcelas (ambiental);

Vf: variância fenotípica individual;

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação clone x local;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLU? Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 2.



### **Modelo 13. látice, progênie de meios-irmãos, várias plantas por parcela, vários locais**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Progênie, Repetição, Parcela, Bloco, Interação, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva, livre da interação genótipo x ambiente;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vbloc: variância entre blocos;

Vint: variância da interação progênie x local;

Ve: variância residual dentro de parcelas (ambiental + genética não aditiva);

Vf: variância fenotípica individual;

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

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênie x local;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLU? Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 1.

### **Modelo 14. Blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela, várias populações, vários locais**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Progênie, Bloco, Parcela, Procedência, Interação, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva, livre da interação genótipo x ambiente;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vproc: variância entre procedências;

Vint: variância da interação progênie x local;

Ve: variância residual dentro de parcelas (ambiental + genética não aditiva);

Vf: variância fenotípica individual;

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

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2proc: coeficiente de determinação dos efeitos de procedência;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênie x local;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 1.

## **Modelo 15. Látice, progênies de meios irmãos, uma planta por parcela**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Progênie, Repetição, Bloco, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

Vbloc: variância ambiental entre blocos;

Ve: variância residual (ambiental + não aditiva);

Vf: variância fenotípica individual;

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

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

Média geral do experimento.

### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 1.

### **Modelo 16. Látice, teste de clones não aparentados, uma planta por parcela**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Repetição, Bloco, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### **1. Componentes de Variância (REML Individual)**

Vg: variância genotípica entre clones;

Vbloc: variância entre blocos;

Ve: variância residual (ambiental);

Vf: variância fenotípica individual;

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

Média geral do experimento.

#### **2. Componentes de Média (BLUP Individual)**

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 2.

### **Modelo 17. Látice, teste de linhagens de autógamas ou híbridos, média por parcela**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Linhagem, Repetição, Bloco, Árvore (coluna de 1), Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Vg: variância genotípica;

Vbloc: variância entre blocos;

Ve: variância residual (ambiental);

Vf: variância fenotípica;

h2g: herdabilidade no sentido amplo ao nível de parcela, ou seja, dos efeitos genotípicos;

h2mlin: herdabilidade da média de linhagem ou híbrido;

Aclin: acurácia da seleção de linhagem ou híbrido;

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Ordem	Linhagem	g	Ganho	Nova Média
1	23	14.06	14.06	66.26
2	81	12.00	13.03	65.23
3	42	10.83	12.30	64.49
4	82	10.14	11.76	63.96
5	24	9.75	11.36	63.55

### **Modelo 18. Blocos ao acaso, teste de linhagens de autógamas ou híbridos, várias plantas por parcela**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Linhagem, Bloco, Parcela, Árvore (coluna de 1), Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Vg: variância genotípica;

Vparc: variância entre blocos;

Ve: variância residual (ambiental);

Vf: variância fenotípica;

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

h2mlin: herdabilidade da média de linhagem ou híbrido;

Aclinh: acurácia da seleção de linhagem ou híbrido;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 17.

## **Modelo 19. Blocos ao acaso, progênies de meios irmãos, uma planta por parcela**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Progênie, Bloco, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

### **1. Componentes de Variância (REML Individual)**

Va: variância genética aditiva;

Ve: variância residual (ambiental + não aditiva);

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2mp: herdabilidade da média de progênie (com sementes remanescentes);

Acprog: acurácia da seleção de progênies (com sementes remanescentes) ou genitores;

h2ad: herdabilidade aditiva para a seleção dentro de parcelas;

Média geral do experimento.

### **2. Componentes de Média (BLUP Individual)**

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 1.

## **Modelo 20. Blocos ao acaso, teste de clones não aparentados, uma planta por parcela**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Bloco, Arvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Vg: variância genotípica entre clones;

Ve: variância residual (ambiental);

Vf: variância fenotípica individual;

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

h2mc: herdabilidade da média de clone, assumindo estande completo;

Acclon: acurácia da seleção de clones, assumindo estande completo;

Média geral do experimento.

### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 2.



### **Modelo 21. Blocos ao acaso, teste de linhagens de autógamas ou híbridos, média por parcela**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Linhagem, Bloco, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Vg: variância genotípica;

Ve: variância residual (ambiental);

Vf: variância fenotípica;

h2g: herdabilidade no sentido amplo ao nível de parcela, ou seja, dos efeitos genotípicos;

h2ml: herdabilidade da média de linhagem ou híbrido;

Aclinh: acurácia da seleção de linhagem ou híbrido;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 17.

## **Modelo 22. Blocos ao acaso, progênies de meios irmãos, uma planta por parcela, vários locais**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Progênie, Bloco, Interação, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

Vint: variância da interação progênie x ambiente;

Ve: variância residual (ambiental + não aditiva);

Vf: variância fenotípica individual;

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

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

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 1.

### **Modelo 23. Blocos ao acaso, teste de clones não aparentados, uma planta por parcela, vários locais**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Bloco, Interação, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Vg: variância genotípica entre clones;

Vint: variância da interação clone x ambiente;

Ve: variância residual (ambiental);

Vf: variância fenotípica individual;

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

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

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 2.

## Modelo 24. Blocos ao acaso, teste de populações ou procedências, várias plantas por parcela

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, População, Bloco, Parcela, Árvore, Variáveis. O programa solicita um valor para  $h2dp$ , que refere-se à herdabilidade aditiva dentro de procedências, a qual pode ser obtida de literatura (por exemplo, 0.20 é um valor bastante razoável para caracteres de crescimento em espécies florestais). Caso não haja interesse na seleção de indivíduos, mas apenas de procedências, qualquer valor pode ser fornecido.

O arquivo de resultados apresenta:

### 1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica entre populações ou procedências;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Ve: variância residual dentro de parcelas;

Vf: variância fenotípica individual;

$h2g$ : coeficiente de determinação dos efeitos de procedências;

$c2parc$ : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

$h2mp$ : herdabilidade da média de procedência, assumindo estande completo;

Acproc: acurácia da seleção de procedências, assumindo estande completo;

Média geral do experimento.

### 2. Componentes de Média (BLUP Individual)

Seleção de Procedências

Ordem	Procedência	g	Ganho	Nova Média
	2399	14.06	14.06	66.26
2	2381	12.00	13.03	65.23
3	2442	10.83	12.30	64.49
4	2382	10.14	11.76	63.96

## **Modelo 25. Blocos ao acaso, teste de linhagens de autógamias ou híbridos, média de parcela, vários locais**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Linhagem, Repetição, Bloco, Interação, Árvore (coluna de 1), Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Vg: variância genotípica entre linhagens ou híbridos, livre da interação genótipo x ambiente;

Vbloc: variância entre blocos;

Vint: variância da interação linhagem x local;

Ve: variância residual;

Vf: variância fenotípica individual;

h2g: herdabilidade no sentido amplo ao nível de parcela, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação linhagem x local;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 17.

### **Modelo 27. Blocos ao acaso, teste de híbridos, várias plantas por parcela, medidas repetidas**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Híbrido, Bloco-Medição, Parcela, Permanente, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Vg: variância genotípica entre híbridos;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vperm: variância permanente dentro de parcela;

Ve: variância residual dentro de parcelas;

Vf: variância fenotípica individual;

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco em uma dada medição;

r: repetibilidade individual no bloco;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2perm: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Seleção de Híbridos

Ordem	Híbridos	g	Ganho	Nova Média
1	13	14.06	14.06	66.26
2	17	12.00	13.03	65.23
3	06	10.83	12.30	64.49
4	03	10.14	<b>11.76</b>	63.96

### **Modelo 28. Blocos ao acaso, teste de híbridos, média de parcela, medidas repetidas**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Híbrido, Bloco, Permanente, Árvore (coluna de 1), Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Vg: variância genotípica entre híbridos;

Vperm: variância dos efeitos permanentes;

Ve: variância residual;

Vf: variância fenotípica individual;

h2g: herdabilidade no sentido amplo ao nível de parcela, ou seja, dos efeitos genotípicos;

r: repetibilidade ao nível de parcela;

c2perm: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 26.

### **Modelo 29. Blocos ao acaso, teste de clones não aparentados, média de parcela, medidas repetidas**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Bloco, Permanente, Árvore (coluna de 1), Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *t. Componentes de Variância (REML Individual)*

Vg: variância genotípica entre clones;

Vperm: variância dos efeitos permanentes;

Ve: variância residual;

Vf: variância fenotípica individual;

h<sup>2</sup><sub>g</sub>: herdabilidade no sentido amplo ao nível de parcela, ou seja, dos efeitos genotípicos;

r: repetibilidade ao nível de parcela;

c<sup>2</sup><sub>perm</sub>: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLU? Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 2.



### **Modelo 30. Blocos ao acaso, teste de clones aparentados, uma planta por parcela**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Bloco, Árvore, Variáveis. É necessário também um arquivo contendo a genealogia dos clones, com a seguinte seqüência de colunas: Clone Pai Mãe.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *t. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva entre clones;

Vd: variância genética de dominância entre clones;

Ve: variância residual (ambiental);

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2d: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância;

h2mc: herdabilidade da média de clone, assumindo estande completo;

Acclon: acurácia da seleção de clones, assumindo estande completo;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 2.

### **Modelo 31. Blocos ao acaso, teste de clones aparentados, uma planta por parcela, vários locais**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Bloco, Interação, Árvore, Variáveis. É necessário também um arquivo contendo a genealogia dos clones, com a seguinte seqüência de colunas: Clone Pai Mãe.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva entre clones;

Vd: variância genética de dominância entre clones;

Vint: variância da interação clones x locais;

Ve: variância residual (ambiental);

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2d: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação clone x ambiente;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo S);

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLU? Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 2.

## **Modelo 32. Látice, teste de clones aparentados, uma planta por parcela, vários locais**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Repetição, Bloco, Interação, Árvore, Variáveis. É necessário também um arquivo contendo a genealogia dos clones, com a seguinte seqüência de colunas: Clone Pai Mãe.

O arquivo de resultados apresenta:

### **1. Componentes de Variância (REML Individual)**

Va: variância genética aditiva entre clones;

Vd: variância genética de dominância entre clones;

Vbloc: variância dos efeitos de bloco;

Vint: variância da interação clones x locais;

Ve: variância residual (ambiental);

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2d: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância;

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação clone x ambiente;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

### **2. Componentes de Média (BLUP Individual)**

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 2.

### **Modelo 33. Blocos ao acaso, teste de progênies de polinização controlada (genitores não aparentados), várias plantas por parcela**

É adequado a qualquer tipo de progênie de polinização controlada (progênies de irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos desbalanceados, híbridos), ou seja, qualquer delineamento de cruzamento em que se conhece o pai e a mãe. Válido para o caso de genitores não aparentados. Para o caso em que se dispõe exclusivamente de progênies de irmãos germanos, deve-se utilizar apenas o procedimento BLUP e não o REMUBLUP. O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Pai, Mãe, Bloco, Parcela, Progênie, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vfam: variância genética de dominância entre famílias;

Ve: variância residual dentro de parcela;

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2fam: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância entre famílias;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta os valores genotípicos preditos (Vgc) de todos os cruzamentos e demais resultados similar ao apresentado para o modelo 1.

### **Modelo 34. Blocos ao acaso, teste de progênies de polinização controlada (genitores não aparentados), uma planta por parcela, vários locais**

É adequado a qualquer tipo de progênie de polinização controlada (progênies de irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos desbalanceados, híbridos), ou seja, qualquer delineamento de cruzamento em que se conhece o pai e a mãe. Válido para o caso de genitores não aparentados. Para o caso em que se dispõe exclusivamente de progênies de irmãos germanos, deve-se utilizar apenas o procedimento BLUP e não o REML/BLUP. O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Pai, Mãe, Bloco, Interação, Progênie, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

Vint: variância da interação progênies x locais;

Vfam: variância genética de dominância entre famílias;

Ve: variância residual;

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênies x locais;

c2fam: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância entre famílias;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta os valores genotípicos preditos ( $V_{gc}$ ) de todos os cruzamentos e demais resultados similar ao apresentado para o modelo 1.

### **Modelo 35. Látice, teste de progênies de polinização controlada (genitores não aparentados), uma planta por parcela**

É adequado a qualquer tipo de progênie de polinização controlada (progênies de irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos desbalanceados, híbridos), ou seja, qualquer delineamento de cruzamento em que se conhece o pai e a mãe. Válido para o caso de genitores não aparentados. Para o caso em que se dispõe exclusivamente de progênies de irmãos germanos, deve-se utilizar apenas o procedimento BLUP e não o REMLIBLUP. O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Pai, Mãe, Repetição, Bloco, Progênie, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

bloc: variância ambiental entre blocos;

Vfam: variância genética de dominância entre famílias;

Ve: variância residual;

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2fam: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância entre famílias;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta os valores genotípicos preditos (Vgc) de todos os cruzamentos e demais resultados similar ao apresentado para o modelo 1.

### **Modelo 36. Blocos ao acaso, teste de progênies de polinização controlada (genitores não aparentados), uma planta por parcela**

É adequado a qualquer tipo de progênie de polinização controlada (progênies de irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos desbalanceados, híbridos), ou seja, qualquer delineamento de cruzamento em que se conhece o pai e a mãe. Válido para o caso de genitores não aparentados. Para o caso em que se dispõe exclusivamente de progênies de irmãos germanos, deve-se utilizar apenas o procedimento BLUP e não o REML/BLUP. O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Pai, Mãe, Bloco, Progênie, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

Vfam: variância genética de dominância entre famílias;

Ve: variância residual;

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2fam: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância entre famílias;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLU? Individual)*

Apresenta os valores genotípicos preditos (Vgc) de todos os cruzamentos e demais resultados similar ao apresentado para o modelo 1.

### **Modelo 37. Blocos ao acaso, teste de progênies de polinização controlada (genitores não aparentados), várias plantas por parcela, vários locais**

É adequado a qualquer tipo de progênie de polinização controlada (progênies de irmãos germanos, cruzamentos dialéticos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos desbalanceados, híbridos), ou seja, qualquer delineamento de cruzamento em que se conhece o pai e a mãe. Válido para o caso de genitores não aparentados. Para o caso em que se dispõe exclusivamente de progênies de irmãos germanos, deve-se utilizar apenas o procedimento BLUP e não o REMLIBLUP. O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Pai, Mãe, Bloco, Parcela, Progênie, Interação, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### **1. Componentes de Variância (REML Individual)**

Va: variância genética aditiva;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vfam: variância genética de dominância entre famílias;

Vint: variância da interação progênies x locais;

Ve: variância residual;

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2fam: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância entre famílias;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênies x locais;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

#### **2. Componentes de Média (BLUP Individual)**

Apresenta os valores genotípicos preditos (Vgc) de todos os cruzamentos e demais resultados similar ao apresentado para o modelo 1.



### **Modelo 38. Látice, teste de progênies de polinização controlada (genitores não aparentados), várias plantas por parcela**

É adequado a qualquer tipo de progênie de polinização controlada (progênies de irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos desbalanceados, híbridos), ou seja, qualquer delineamento de cruzamento em que se conhece o pai e a mãe. Válido para o caso de genitores não aparentados. Para o caso em que se dispõe exclusivamente de progênies de irmãos germanos, deve-se utilizar apenas o procedimento BLUP e não o REMLIBLUP. O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Pai, Mãe, Repetição, Parcela, Progênie, Bloco, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vfam: variância genética de dominância entre famílias;

Vbloc: variância entre blocos;

Ve: variância residual;

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2fam: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância entre famílias;

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta os valores genotípicos preditos (Vgc) de todos os cruzamentos e demais resultados similar ao apresentado para o modelo 1.

### **Modelo 39. Látice, teste de progênes de polinização controlada (genitores não aparentados), uma planta por parcela, vários locais**

É adequado a qualquer tipo de progênie de polinização controlada (progênes de irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos desbalanceados, híbridos), ou seja, qualquer delineamento de cruzamento em que se conhece o pai e a mãe. Válido para o caso de genitores não aparentados. Para o caso em que se dispõe exclusivamente de progênes de irmãos germanos, deve-se utilizar apenas o procedimento BLUP e não o REML/BLUP. O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Pai, Mãe, Repetição, Bloco, Progênie, Interação, Árvore, Variáveis.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

Vbloc: variância entre blocos;

Vfam: variância genética de dominância entre famílias;

Vint: variância da interação progênes x locais;

Ve: variância residual;

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

c2fam: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância entre famílias;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênes x locais;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta os valores genotípicos preditos (Vgc) de todos os cruzamentos e demais resultados similar ao apresentado para o modelo.

#### **Modelo 40. Blocos ao acaso, teste de progênies de polinização controlada (genitores aparentados), várias plantas por parcela**

É adequado a qualquer tipo de progênie de polinização controlada (progênies de irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos desbalanceados, híbridos), ou seja, qualquer delineamento de cruzamento em que se conhece o pai e a mãe. Válido para o caso de genitores aparentados. Para o caso em que se dispõe exclusivamente de progênies de irmãos germanos, deve-se utilizar apenas o procedimento BLUP e não o REML/BLUP. O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Pai, Mãe, Bloco, Parcela, Progênie, Árvore, Variáveis. É necessário também um arquivo contendo a genealogia dos genitores, com a seguinte seqüência de colunas: Genitor Pai Mãe.

O arquivo de resultados apresenta:

##### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vfam: variância genética de dominância entre famílias;

Ve: variância residual dentro de parcela;

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2fam: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância entre famílias;

Média geral do experimento.

##### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta os valores genotípicos preditos (Vgc) de todos os cruzamentos e demais resultados similar ao apresentado para o modelo 1.

### **Modelo 41. Blocos ao acaso, teste de progênies de polinização controlada (genitores aparentados), uma planta por parcela, vários locais**

É adequado a qualquer tipo de progênie de polinização controlada (progênies de irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos desbalanceados, híbridos), ou seja, qualquer delineamento de cruzamento em que se conhece o pai e a mãe. Válido para o caso de genitores aparentados. Para o caso em que se dispõe exclusivamente de progênies de irmãos germanos, *deve-se* utilizar apenas o procedimento BLUP e não o REML/BLUP. O arquivo de dados *deve* apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Pai, Mãe, Bloco, Interação, Progênie, Árvore, Variáveis. É necessário também um arquivo contendo a genealogia dos genitores, com a seguinte seqüência de colunas: Genitor Pai Mãe.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética *aditiva*;

Vint: variância da interação progênies x locais;

Vfam: variância genética de dominância entre famílias;

Ve: variância residual;

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênies x locais;

c2fam: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância entre famílias;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta os *valores* genotípicos preditos (Vgc) de todos os cruzamentos e demais resultados similar ao apresentado para o modelo 1.

## **Modelo 42. Látice, teste de progênies de polinização controlada (genitores aparentados), uma planta por parcela**

É adequado a qualquer tipo de progênie de polinização controlada (progênies de irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos desbalanceados, híbridos), ou seja, qualquer delineamento de cruzamento em que se conhece o pai e a mãe. Válido para o caso de genitores aparentados. Para o caso em que se dispõe exclusivamente de progênies de irmãos germanos, deve-se utilizar apenas o procedimento BLUP e não o REMLIBLUP. O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Pai, Mãe, Repetição, Bloco, Progênie, Árvore, Variáveis. É necessário também um arquivo contendo a genealogia dos genitores, com a seguinte seqüência de colunas: Genitor Pai Mãe.

O arquivo de resultados apresenta:

### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

Vbloc: variância ambiental entre blocos;

Vfam: variância genética de dominância entre famílias;

Ve: variância residual;

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2fam: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância entre famílias;

Média geral do experimento.

### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta os valores genotípicos preditos (Vgc) de todos os cruzamentos e demais resultados similar ao apresentado para o modelo 1.

### **Modelo 43. Blocos ao acaso, teste de progênies de polinização controlada (genitores aparentados), uma planta por parcela**

É adequado a qualquer tipo de progênie de polinização controlada (progênies de irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos desbalanceados, híbridos), ou seja, qualquer delineamento de cruzamento em que se conhece o pai e a mãe. Válido para o caso de genitores aparentados. Para o caso em que se dispõe exclusivamente de progênies de irmãos germanos, deve-se utilizar apenas o procedimento BLUP e não o REMUBLUP. O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Pai, Mãe, Bloco, Progênie, Árvore, Variáveis. É necessário também um arquivo contendo a genealogia dos genitores, com a seguinte seqüência de colunas: Genitor Pai Mãe.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

Vfam: variância genética de dominância entre famílias;

Ve: variância residual;

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2fam: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância entre famílias;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta os valores genotípicos preditos (Vgc) de todos os cruzamentos e demais resultados similar ao apresentado para o modelo 1.

#### **Modelo 44. Blocos ao acaso, teste de progênies de polinização controlada (genitores aparentados), várias plantas por parcela, vários locais**

É adequado a qualquer tipo de progênie de polinização controlada (progênies de irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos desbalanceados, híbridos), ou seja, qualquer delineamento de cruzamento em que se conhece o pai e a mãe. Válido para o caso de genitores aparentados. Para o caso em que se dispõe exclusivamente de progênies de irmãos germanos, deve-se utilizar apenas o procedimento BLUP e não o REML/BLUP. O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Pai, Mãe, Bloco, Parcela, Progênie, Interação, Árvore, Variáveis. É necessário também um arquivo contendo a genealogia dos genitores, com a seguinte seqüência de colunas: Genitor Pai Mãe.

O arquivo de resultados apresenta:

##### *t. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vfam: variância genética de dominância entre famílias;

Vint: variância da interação progênies x locais;

Ve: variância residual;

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2fam: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância entre famílias;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênies x locais;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

##### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta os valores genotípicos preditos (Vgc) de todos os cruzamentos e demais resultados similar ao apresentado para o modelo 1.

### **Modelo 45. Látice, teste de progênies de polinização controlada (genitores aparentados), várias plantas por parcela**

É adequado a qualquer tipo de progênie de polinização controlada (progênies de irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos desbalanceados, híbridos), ou seja, qualquer delineamento de cruzamento em que se conhece o pai e a mãe. Válido para o caso de genitores aparentados. Para o caso em que se dispõe exclusivamente de progênies de irmãos germanos, deve-se utilizar apenas o procedimento BLUP e não o REML/BLUP. O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Pai, Mãe, Repetição, Parcela, Progênie, Bloco, Árvore, Variáveis. É necessário também um arquivo contendo a genealogia dos genitores, com a seguinte seqüência de colunas: Genitor Pai Mãe.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vfam: variância genética de dominância entre famílias;

Vbloc: variância entre blocos;

Ve: variância residual;

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2fam: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância entre famílias;

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média rBLUP Individual)*

Apresenta os valores genotípicos preditos (Vgc) de todos os cruzamentos e demais resultados similar ao apresentado para o modelo 1.



## **Modelo 46. Látice, teste de progênes de polinização controlada (genitores aparentados), uma planta por parcela, vários locais**

É adequado a qualquer tipo de progênie de polinização controlada (progênes de irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos desbalanceados, híbridos), ou seja, qualquer delineamento de cruzamento em que se conhece o pai e a mãe. Válido para o caso de genitores aparentados. Para o caso em que se dispõe exclusivamente de progênes de irmãos germanos, deve-se utilizar apenas o procedimento BLUP e não o REMLBLUP. O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Pai, Mãe, Repetição, Bloco, Progênie, Interação, Árvore, Variáveis. É necessário também um arquivo contendo a genealogia dos genitores, com a seguinte seqüência de colunas: Genitor Pai Mãe.

O arquivo de resultados apresenta:

### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva;

Vbloc: variância entre blocos;

Vfam: variância genética de dominância entre famílias;

Vint: variância da interação progênes x locais;

Ve: variância residual;

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

c2fam: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância entre famílias;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênes x locais;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta os valores genotípicos preditos (Vgc) de todos os cruzamentos e demais resultados similar ao apresentado para o modelo 1.

### **Modelo 47. Blocos ao acaso, teste de clones aparentados, várias plantas por parcela**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Bloco, Parcela, Árvore, Variáveis. É necessário também um arquivo contendo a genealogia dos clones, com a seguinte seqüência de colunas: Clone Pai Mãe.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva entre clones;

Vd: variância genética de dominância entre clones;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Ve: variância residual (ambiental);

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2d: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 2.

### **Modelo 48. Látice, teste de clones aparentados, uma planta por parcela**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Repetição, Bloco, Árvore, Variáveis. É necessário também um arquivo contendo a genealogia dos clones, com a seguinte seqüência de colunas: Clone Pai Mãe.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva entre clones;

Vd: variância genética de dominância entre clones;

Vbloc: variância ambiental entre blocos;

Ve: variância residual (ambiental);

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2d: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância;

2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 2.

### **Modelo 49. Látice, teste de clones aparentados, várias plantas por parcela**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Repetição, Bloco, Parcela, Árvore, Variáveis. É necessário também um arquivo contendo a genealogia dos clones, com a seguinte seqüência de colunas: Clone Pai Mãe.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva entre clones;

Vd: variância genética de dominância entre clones;

Vbloc: variância entre bloco;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Ve: variância residual (ambiental);

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2d: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância;

c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 2.

### **Modelo 50. Blocos ao acaso, teste de clones aparentados, várias plantas por parcela, vários locais**

O arquivo de dados deve apresentar a seguinte seqüência de colunas: Indivíduo, Clone, Bloco, Parcela, Interação, Variáveis. É necessário também um arquivo contendo a genealogia dos clones, com a seguinte seqüência de colunas: Clone Pai Mãe.

O arquivo de resultados apresenta:

#### *1. Componentes de Variância (REML Individual)*

Va: variância genética aditiva entre clones;

Vd: variância genética de dominância entre clones;

Vparc: variância ambiental entre parcelas;

Vint: variância da interação clones x locais;

Ve: variância residual (ambiental);

Vf: variância fenotípica individual;

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

h2g: herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c2d: coeficiente de determinação dos efeitos de dominância;

c2parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c2int: coeficiente de determinação dos efeitos da interação clone x ambiente;

rgloc: correlação genotípica através dos locais (correlação tipo B);

Média geral do experimento.

#### *2. Componentes de Média (BLUP Individual)*

Apresenta saída de resultados similar à apresentada para o modelo 2.

**APÊNDICE: SUMÁRIO DOS MODELOS**

Modelo no software	Delineamento experimental	Estrutura genética do teste	Plantas por parcela	Locais e/ou medidas
	blocos ao acaso	progênies de meios irmãos	várias	
2	blocos ao acaso	clones não aparentados	várias	
3	blocos ao acaso	clones não aparentados	várias	vários
4	blocos ao acaso	progênies de meios-irmãos	várias	vários
5	blocos ao acaso	progênies de meios-irmãos	várias	várias populações
6	látice	progênies de meios-irmãos	várias	
7	látice	clones não aparentados	várias	
8	blocos ao acaso	progênies de meios-irmãos	várias	medidas repetidas
9	blocos	clones não aparentados	várias	medidas repetidas
10	látice	progênies de meios-irmãos	uma	vários
11	látice	clones não aparentados	uma	vários
12	látice	clones não aparentados	várias	vários
13	látice	progênies de meios-irmãos	várias	vários
14	blocos ao acaso	progênies de meios-irmãos	várias	várias populações e locais
15	látice	progênies de meios irmãos	uma	
16	látice	clones não aparentados	uma	
17	látice	linhagens de autógamas ou híbridos	média	
18	blocos ao acaso	linhagens de autógamas ou híbridos	várias	
19	blocos ao acaso	progênies de meios irmãos	uma	
20	blocos ao acaso	clones não aparentados	uma	
21	blocos ao acaso	linhagens de autógamas ou híbridos	média	
22	blocos ao acaso	progênies de meios irmãos	uma	vários
23	blocos ao acaso	clones não aparentados	uma	vários

**continua.**

**APÊNDICE: SUMÁRIO DOS MODELOS - continuação**

Modelo no software	Delineamento experimental	Estrutura genética do teste	Plantas por parcela	Locais e/ou medidas
24	blocos ao acaso	populações ou procedências	várias	
25	blocos ao acaso	Linhagens de autógamas ou híbridos	média de parcela	vários
26	látice	linhagens de autógamas ou híbridos	média	vários
27	blocos ao acaso	híbridos	várias	medidas repetidas
28	blocos ao acaso	híbridos	média de parcela	medidas repetidas
29	blocos ao acaso	clones não aparentados	média de parcela	medidas repetidas
30	blocos ao acaso	clones aparentados	uma	
31	blocos ao acaso	clones aparentados	uma	vários
32	látice	clones aparentados	uma	vários
33	blocos ao acaso	progênies de polinização controlada (genitores não aparentados)	várias	
34	blocos ao acaso	progênies de polinização controlada (genitores não aparentados)	uma	vários
35	látice	progênies de polinização controlada (genitores não aparentados)	uma	
36	blocos ao acaso	progênies de polinização controlada (genitores não aparentados)	uma	
37	blocos ao acaso	progênies de polinização controlada (genitores não aparentados)	várias	vários
38	látice	progênies de polinização controlada (genitores não aparentados)	várias	
39	látice	progênies de polinização controlada (genitores não aparentados)	uma	vários

continua.

**APÊNDICE: SUMÁRIO DOS MODELOS** *continuação*

Modelo no software	Delineamento experimental	Estrutura genética do teste	Plantas por parcela	Locais e/ou medidas
40	blocos ao acaso	Progênie de polinização controlada (genitores aparentados)	várias	
41	blocos ao acaso	Progênie de polinização controlada (genitores aparentados)	uma	vários
42	látice	progênie de polinização controlada (genitores aparentados)	uma	
43	blocos ao acaso	progênie de polinização controlada (genitores aparentados)	uma	
44	blocos ao acaso	progênie de polinização controlada (genitores aparentados)	várias	vários
45	látice	progênie de polinização controlada (genitores aparentados)	várias	
46	látice	progênie de polinização controlada (genitores aparentados)	uma	vários
47	blocos ao acaso	clones aparentados	várias	
48	látice	clones aparentados	uma	
49	látice	clones aparentados	várias	
50	blocos ao acaso	clones	várias	vários



## Referências Bibliográficas

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

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

RESENDE, M. D. V. de. Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamentos de cruzamento e estrutura de populações no melhoramento florestal. 1999. 434 p. Tese (Doutorado em Genética) - Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de Eucalyptus através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. Boletim de Pesquisa Florestal, Colombo, n. 28/29, p. 37-55, 1994.

RESENDE, M. D. V. de; OLIVEIRA, E. B. de; MELINSKI, L. C.; GOULART JUNIOR, F. S.; OAIDA, G. R. P. Seleção genética computadorizada - SELEGEN - Módulo 1 - Best prediction\*: manual do usuário versão 1.0. Colombo: Embrapa-CNPQ, 1994. 32 p.