

CAPÍTULO 4

COMPARAÇÃO ENTRE ESTIMADORES DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA NUM MODELO DE BLOCOS AUMENTADOS COM TRATAMENTOS NOVOS DE UMA OU MAIS POPULAÇÕES

RESUMO

O trabalho compara, por meio de simulação, as estimativas de componentes de variância produzidas pelos métodos *ANOVA* (análise da variância), *ML* (máxima verossimilhança), *REML* (máxima verossimilhança restrita) e *MIVQUE* (estimador quadrático não viesado de variância mínima), no delineamento de blocos aumentados com tratamentos novos (progênes) de uma ou mais procedências (cruzamentos). Os resultados apontaram superioridade relativa para o método *MIVQUE*. O método *ANOVA*, embora não tendencioso, apresentou as estimativas de menor precisão. Já os métodos de máxima verossimilhança, sobretudo *ML*, tenderam a subestimar a variância do erro experimental (σ_e^2) e a superestimar as variâncias genotípicas (σ_g^2), em especial nos experimentos menores. Quando as progênes vieram de um único cruzamento, *REML* praticamente perdeu estes vícios nos experimentos de maior tamanho e com razões $\sigma_g^2/\sigma_e^2 > 0,5$. Contudo, o método produziu as piores estimativas de variâncias genotípicas quando as progênes vieram de diferentes cruzamentos e os experimentos foram pequenos.

Palavras-chave: componentes de variância, *ANOVA*, *ML*, *REML*, *MIVQUE*, blocos aumentados, tratamentos novos hierarquizados.

**COMPARISON AMONG ESTIMATORS OF VARIANCE COMPONENTS
IN THE AUGMENTED BLOCK DESIGN WITH NEW TREATMENTS
DERIVED FROM ONE OR MORE POPULATIONS**

ABSTRACT

This work compares by simulation estimates of variance components produced by the *ANOVA* (analysis of variance), *ML* (maximum likelihood), *REML* (restricted maximum likelihood), and *MIVQUE* (minimum variance quadratic unbiased estimator) methods for augmented block design with new treatments (progenies) stemming from one or more origins (crosses). Results showed the superiority of the *MIVQUE* estimation. The *ANOVA* method, although unbiased, showed estimates with lower precision. The *ML* and *REML* methods produced downwards biased estimates for error variance (σ_e^2), and upwards biased estimates for genotypic variances (σ_g^2), particularly the *ML* method. Biases for the *REML* estimation became negligible when progenies were derived from a single cross, and experiments were of larger size with ratios $\sigma_g^2 / \sigma_e^2 > 0.5$. This method, however, provided the worst estimates for genotypic variances when progenies were derived from several crosses and the experiments were of small size.

Keys words: *components of variance, ANOVA, ML, REML, MIVQUE, augmented block design, new treatments nested.*

1. INTRODUÇÃO

A classe dos delineamentos aumentados foi proposta por Walter T. Federer na década de cinquenta (Federer, 1956; 1958). A partir de então, principalmente após os anos oitenta, tem sido amplamente utilizada em programas de melhoramento genético vegetal. Nestes delineamentos há duas categorias de tratamentos, as testemunhas (repetidas) e os tratamentos adicionais ou *novos* (geralmente não repetidos). Muito comumente, e sobretudo nas etapas iniciais desses processos seletivos, os novos tratamentos representam uma amostra de genótipos (cultivares, progênies, linhagens experimentais, etc.) oriundos de uma mesma população (procedência, cruzamento, família, etc.), caracterizando-os como de efeitos aleatórios. O interesse pela informação relacionada ao componente de variância genotípico (σ_g^2) é, portanto, imediato, uma vez que tem relação direta com o potencial da população para produzir genótipos superiores. Além deste componente, é também de interesse geral a informação relacionada à variabilidade aleatória local, ou seja, a variância do erro experimental (σ_e^2).

Em espécies autógamas como a soja, o arroz, entre outras, os programas de melhoramento vêm adotando, ultimamente, a abordagem da seleção recorrente. Por este enfoque, as linhagens sob seleção provêm de diferentes cruzamentos (populações) mantendo, entre elas, um relacionamento em função de suas origens comuns. Nestes casos, o interesse do melhorista normalmente volta-se não para o componente genético único σ_g^2 , mas, para as variâncias genotípicas $\sigma_{g_k}^2$ ($k=1,2,\dots,c$; sendo c o número de cruzamentos), específicas de cada população de progênies. A estimação de componentes de variância é, portanto, tema de relevada importância nesse tipo de trabalho.

Além da interpretação direta desses componentes em termos da variabilidade genotípica disponível à seleção, deve-se ressaltar a sua influência sobre os métodos de estimação/predição dos efeitos genotípicos. Até recentemente, os delineamentos aumentados, em geral, vinham recebendo um tratamento estatístico simplificado, baseado na análise intrablocos (modelos fixos). Contudo, dados experimentais com as características anteriormente referidas são melhor analisados por uma abordagem de modelos mistos, haja vista os efeitos fixos de testemunhas e aleatórios de progênies. Neste contexto, os preditores de variáveis aleatórias realizadas, os *BLUP's* (*best linear unbiased predictors*), são funções diretas dos componentes de variância envolvidos no modelo de análise (Searle *et al.*, 1992). Assim, a disponibilidade de boas estimativas de variâncias é fundamental também para uma melhor qualidade das predições dos valores genotípicos individuais das progênies

(Henderson, 1986; Resende *et al.*, 1996b; André, 1999). Littell *et al.* (1996) mostram como os valores de funções predizíveis (ex: as médias experimentais das progênies aleatórias) mudam quando se modifica a magnitude dos componentes de variância.

Vários métodos de estimação de componentes de variância são disponíveis. Os mais antigos são baseados no método dos momentos, entre os quais se incluem o método da *análise de variância* – *ANOVA* (Fisher, 1918) e os *métodos 1, 2 e 3* de Henderson (1953). O primeiro deles é apropriado para modelos balanceados; já os outros três aplicam-se, respectivamente, a modelos aleatórios, a modelos mistos sem interações e/ou hierarquizações entre efeitos fixos e aleatórios, e a mistos ou aleatórios (Valério Filho, 1983; 1991). Nessa abordagem, são construídas formas quadráticas em \mathbf{y} (vetor de observações), $\mathbf{y}'\mathbf{P}_t\mathbf{y}$ ($t=1,2,\dots,s$; com s igual ao número de parâmetros σ_t^2 a serem estimados), as quais são equacionadas com as expressões de suas esperanças matemáticas, $E(\mathbf{y}'\mathbf{P}_t\mathbf{y})$. As formas quadráticas são escolhidas a partir das linhas de uma tabela de *ANOVA*, representando, enfim, os quadrados médios (*QM*'s) devido aos diferentes efeitos previstos no modelo de análise. E, o termo $E(\mathbf{y}'\mathbf{P}_t\mathbf{y})$ é uma função (combinação linear) dos parâmetros σ_t^2 .

Na tentativa de formalizar e unificar o tratamento desse problema, Rao (1970) propôs um método geral chamado *estimação quadrática de norma mínima* – *MINQE*. O procedimento inclui uma variedade de métodos, entre os quais destacam-se *MINQUE* e *MIVQUE*, os *estimadores quadráticos não viesados de norma mínima e de variância mínima*, respectivamente. C. R. Rao demonstrou que propriedades como não tendenciosidade, unicidade, invariância à translação (não ser afetado por mudanças nos efeitos fixos) e norma ou variância mínima, podem ser incorporadas num estimador de componente de variância ($\hat{\sigma}_t^2$) através de uma escolha apropriada da matriz núcleo (\mathbf{P}_t) da forma quadrática correspondente (Rao, 1971a; 1971b; 1972; Rao & Kleffe, 1988).

Uma abordagem diferente é a de *máxima verossimilhança* - *ML*, formalizada e estimulada a partir do artigo de Hartley & Rao (1967). Mais tarde, a modificação proposta por Patterson & Thompson (1971), conhecida por *MML* (*máxima verossimilhança marginal*) ou, mais comumente, por *REML* (*máxima verossimilhança restrita* ou *residual*), tornou-se uma opção bastante atrativa. Neste procedimento, a *ML* é aplicada apenas a variáveis transformadas, cujas esperanças matemáticas estão livres dos efeitos fixos (Rao & Kleffe, 1988). Recentemente, foi apresentada ainda uma versão bayesiana de *REML*, denominada *VEIL* (*variance estimation from integrated likelihood*) (Gianola & Foulley, 1990; citado por André, 1999). Apesar da diferente abordagem em relação aos métodos anteriores, demonstra-se que os estimadores *ML* e *REML* podem ser exibidos como versões iterativas dos *MINQE*'s, construídos usando-se valores *a priori* para os parâmetros

desconhecidos (Rao & Kleffe, 1988). Enfim, um inconveniente histórico associado à aplicação dos métodos de máxima verossimilhança é a dificuldade dos cálculos envolvidos. Nos últimos anos, entretanto, com os avanços na área computacional, o método *REML* tem tido a preferência para o tratamento estatístico de dados desbalanceados (Verneque, 1994; SAS Institute, 1996).

Vários destes métodos já se encontram implementados em sistemas estatístico-computacionais de ampla divulgação, tais como *SAS*, *BMDP*, *GENSTAT*, etc. (Schwarz, 1993; Federer, 1998). O *SAS*, por exemplo, disponibiliza através dos procedimentos *PROC VARCOMP* e *PROC MIXED* os métodos *ANOVA*, *MIVQUE*, *ML* e *REML*. Apesar desse fácil acesso, os resultados produzidos por essa variedade de métodos nem sempre coincidem, podendo, inclusive, diferir bastante entre si (Kelly & Mathew, 1994). De forma que a escolha do melhor estimador de componentes de variância ainda é, nos dias de hoje, uma tarefa bastante difícil; sobretudo nos casos de modelos mistos e de conjuntos de dados não balanceados. Segundo Littell & McCutchan (1987), para dados desbalanceados, nenhum estimador é ótimo uniformemente, ou seja, suas propriedades estatísticas (unicidade, não tendenciosidade, variância mínima, translação invariante, não negatividade, etc.) não se mantêm válidas para toda a amplitude dos parâmetros a serem estimados.

Os estimadores *ANOVA*, por exemplo, têm suas propriedades dependentes da condição de balanceamento dos dados. Assim, para conjuntos balanceados, estes são altamente desejáveis (Barbin, 1998), pois são únicos, não viesados, de variância mínima e invariantes à translação. Porém, sob desbalanceamento, apenas a não tendenciosidade e a invariância à translação são mantidas (Searle, 1971). A própria existência dos três métodos de Henderson evidencia a perda da unicidade. Os outros métodos, ao contrário, têm propriedades que independem de os dados serem ou não balanceados. Mas, mesmo assim, segundo Littell & McCutchan (1987), há relações entre esses estimadores que só se mantêm nos conjuntos balanceados.

Uma série de outras particularidades contribui para a difícil tarefa de escolher um estimador de componentes de variância. Os métodos *ML* e *REML*, por exemplo, têm seus algoritmos computacionais geralmente construídos com base na distribuição normal; os conjuntos de dados, porém, nem sempre são assim distribuídos. Os estimadores *ML*, apesar de suas desejáveis propriedades assintóticas (sob amostras grandes), são sabidamente viesados, mesmo quando os dados são balanceados; o que é atribuído principalmente ao fato de o método não considerar a perda dos graus de liberdade associados à estimação dos efeitos fixos. Por outro lado, embora *REML* seja capaz de retirar esta fonte de vício, Ghosh (1996) prova a não existência de estimadores de componentes de variância não viesados e não negativos. E, como se sabe, os estimadores *ML* e *REML* são obtidos sob restrição de não negatividade. Lamote (1973) também já havia demonstrado

que somente o componente associado ao *erro* pode desfrutar, simultaneamente, de não tendenciosidade e não negatividade. Há que se acrescentar que estes estimadores, embora únicos por natureza, podem resultar em mais de uma estimativa para o mesmo parâmetro em decorrência do uso de diferentes algoritmos de iteração (Littell & McCutchan, 1987). Estes são necessários por não haver, na maioria dos casos, fórmulas explícitas para tais estimadores.

O método *MIVQUE*, embora não iterativo, exige a atribuição de pesos (valores *a priori*) correspondentes às razões entre os componentes individuais (σ_i^2) e o componente do erro (σ_e^2). Mas, a propriedade de variância mínima somente é garantida se estes pesos forem corretamente fornecidos. Como o usuário dificilmente poderá fazê-los com perfeição, os estimadores *MIVQUE*, em aplicações, geralmente não são de variância mínima (Swallow & Monahan, 1984). No caso particular denominado *MIVQUE(0)*, estes pesos são assumidos com valor *zero* e $\sigma_e^2=1$. Logo, a referida propriedade apenas se mantém quando os verdadeiros componentes associados aos efeitos aleatórios individuais, exceto o *erro*, forem nulos. Além disso, a unicidade conferida a estes estimadores é decorrente da atribuição única de pesos (Littell & McCutchan, 1987).

É necessário esclarecer que, apesar dos problemas apresentados, as deficiências dos métodos não se mantêm sob todas as condições, ou seja, há situações especiais (modelos, relações paramétricas, tamanhos de amostras, etc.) em que um determinado método leva vantagem sobre os outros. Cabe, então, à pesquisa científica identificar estas situações e, com base nisto, escolher um bom estimador com vistas à otimização das inferências. Littell & McCutchan (1987) informam que, na ausência de propriedades estatísticas uniformes, os estudos de simulação podem ser bastante úteis, embora o pesquisador deva estar ciente de que seus resultados são estritamente aplicáveis a um modelo particular.

Nos delineamentos aumentados, a modelagem mista e/ou o desbalanceamento dos dados estão sempre presentes. Contudo, resultados de pesquisas que orientem o usuário sobre a escolha de um estimador de componentes de variância, nos modelos correspondentes, são ainda escassos. Gonçalves (1984) comparou, com base em dados reais e simulados, os métodos *Henderson-3*, *ML*, *REML* e *MIVQUE(0)*, na análise de um delineamento aumentado. O modelo adotado assumiu os efeitos de blocos e de tratamentos adicionais como aleatórios, admitindo-se variância única associada a estes tratamentos (σ_g^2). A autora concluiu que, nos casos com $\sigma_g^2 / \sigma_e^2 \geq 1$, em geral, os métodos apresentam um bom desempenho, com desvantagem para *Henderson-3*. Para os experimentos maiores (cerca de 900 observações) destacou-se unicamente o método *ML* e, para os menores (cerca de 100 observações), o método *MIVQUE(0)* também apresentou um bom

desempenho. Nos casos com $\sigma_g^2 / \sigma_e^2 < 1$, destacaram-se, para todos os tamanhos de experimentos, os métodos *ML* e *Henderson-3*, sobretudo em relação a *MIVQUE(0)*. Pesquisas avaliando a eficiência dos vários métodos de estimação, quando os novos tratamentos têm procedências diferentes, não têm, todavia, sido reportadas. Não é prudente também estender, sem a devida avaliação, o modelo de análise assumindo variância genotípica única para a análise de experimentos desse tipo.

Neste contexto, o presente trabalho avalia a qualidade das estimativas dos componentes de variância $\sigma_{g_k}^2$ ($k=1,2,\dots,c$; com $c \geq 1$) e σ_e^2 , produzidas pelos métodos *ANOVA*, *MIVQUE(0)*, *ML* e *REML*, num modelo de blocos aumentados que acomoda a referida situação (ex: progênies de um ou mais cruzamentos). O estudo limita-se a uma comparação numérica dos resultados, implementada por meio de simulação em computador, através do sistema estatístico *SAS*[®] (*Statistical Analysis System*). Buscando-se inferências mais amplas, foram gerados experimentos de diversos tamanhos, combinando-se também diferentes relações entre as variâncias paramétricas. As informações podem ser úteis tanto aos melhoristas interessados diretamente nas estimativas de variâncias genotípicas, quanto àqueles cujo interesse maior é a predição dos valores genéticos individuais de suas progênies para fins de ordenamento e seleção. Essa última aplicação foi, sem dúvida, a que motivou mais fortemente a realização deste trabalho.

2. METODOLOGIA

2.1. O modelo matemático

Os dados utilizados neste trabalho foram gerados por simulação em computador, em conformidade com o seguinte modelo (blocos aumentados com tratamentos novos hierárquicos em relação à sua origem):

$$Y_{ijk} = \mu + b_j + C_k + g_{i(k)} + e_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} : é a observação gerada para a parcela do bloco j que recebeu o tratamento (genótipo) i oriundo do cruzamento k ;

μ : é a constante comum a todas as observações;

b_j : é o efeito do bloco j ($j=1,2,\dots,b$), assumido como fixo, conforme advogam Piepho (1994) e Gusmão (1986);

C_k : é o efeito fixo do cruzamento k , incluindo-se testemunha ($k=1,2,\dots,c,c+1,c+2,\dots,c+t$; sendo c o número de cruzamentos que originaram as progênies testadas e t o número de testemunhas);

$g_{i(k)}$: é o efeito do genótipo (progênie ou testemunha) i oriundo do cruzamento k ($i=1,2,\dots,p_k$; p_k é o número de genótipos no cruzamento k), assumido fixo se i for uma testemunha, ou aleatório com distribuição $N(0, \sigma_{g_k}^2)$ independente, se i for uma progênie relacionada ao cruzamento k ; e

e_{ijk} : é o erro experimental aleatório associado à ijk -ésima parcela, assumido independente e com distribuição $N(0, \sigma_e^2)$.

Note-se que os efeitos aleatórios $g_{i(k)}$ são assumidos distribuírem-se com média nula dentro da k -ésima população; ou seja, os efeitos dos novos tratamentos (progênies) distribuem-se em torno das respectivas médias fixas $\mu_k = \mu + C_k$ ($k=1,2,\dots,c$), conforme os seus cruzamentos de origem. Já as testemunhas ficam representadas apenas pelos efeitos C_k , com as correspondentes t médias fixas μ_k ($k=c+1, c+2, \dots, c+t$); pois, sendo cada testemunha única dentro da k -ésima população: $g_{i(k)}=0$. Trata-se, portanto, de um modelo misto em que as n observações Y_{ijk} , expressas pelo vetor $\mathbf{y}_{(nx1)}$, podem ser descritas matricialmente através do *modelo linear misto geral* (Henderson, 1984):

$$\begin{aligned} \mathbf{y} &= \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\boldsymbol{\gamma} + \boldsymbol{\varepsilon}; \quad \text{com: } \boldsymbol{\varepsilon} \sim N(\boldsymbol{\phi}, \mathbf{R}); \\ & \boldsymbol{\gamma} \sim N(\boldsymbol{\phi}, \mathbf{G}); \\ E(\mathbf{y}) &= \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}; \quad \text{e } \text{Var}(\mathbf{y}) = \mathbf{V}_{(n)} = \mathbf{Z}\mathbf{G}\mathbf{Z}' + \mathbf{R}. \end{aligned}$$

Neste modelo, todos os efeitos fixos estão reunidos no vetor paramétrico $\boldsymbol{\beta}_{(px1)}$ e os efeitos aleatórios, no vetor paramétrico $\boldsymbol{\gamma}_{(qx1)}$, exceto os erros que compõem o vetor $\boldsymbol{\varepsilon}_{(nx1)}$; e, $\mathbf{X}_{(nxp)}$ e $\mathbf{Z}_{(nxq)}$ representam as matrizes de incidências dos efeitos contidos em $\boldsymbol{\beta}$ e $\boldsymbol{\gamma}$, respectivamente.

Enfim, o objeto central do trabalho é estimar os componentes de variância que compõem as matrizes $\mathbf{R}_{(n)}$ e $\mathbf{G}_{(q)}$, assumidas: $\mathbf{R} = \mathbf{I}_{(n)} \sigma_e^2$ e $\mathbf{G} = \bigoplus_{k=1}^c \mathbf{G}_k$; com $\mathbf{I}_{(\cdot)}$ denotando uma matriz identidade e $\mathbf{G}_k = \mathbf{I}_{(p_k)} \sigma_{g_k}^2$ ($\bigoplus_{k=1}^c$ indica a operação soma direta das c matrizes \mathbf{G}_k , isto é, \mathbf{G} é bloco diagonal com $q = \sum_{k=1}^c p_k$).

2.2. Os parâmetros e os casos simulados

Os valores paramétricos foram estabelecidos de maneira que os conjuntos de dados gerados preservassem algumas características comuns dos experimentos em blocos aumentados, conduzidos no Programa de Melhoramento Genético da Soja, na ESALQ/USP. Procurou-se, então, simular experimentos com coeficientes de variação (CV) médios, com pequeno efeito de blocos e com razoável similaridade entre os cruzamentos. Dessa forma, tomou-se: $\mu = 5$ e $\sigma_e^2 = 1$, resultando num CV=20% e prevenindo-se contra observações negativas (sob distribuição normal). Quanto ao

número de cruzamentos, foram consideradas duas situações: $c=1$ e $c=5$ cruzamentos. Os efeitos de blocos e de cruzamento(s), embora fixos, tiveram seus perfis gerados (uma única vez para cada experimento) pela função *normal* do *SAS*, com as respectivas variâncias: $S_b^2=0,20$ e $S_c^2=0,25$ (valores similares aos obtidos por Hamawaki, 1998). Os efeitos de testemunhas (em número de duas: $t=2$) foram fixados em: $C_{(c+1)}=+1$ e $C_{(c+2)}=-1$. As variâncias genótípicas dentro de cruzamento ($\sigma_{g_k}^2$) também foram escolhidas procurando-se cobrir a amplitude mais comum observada para a relação $\phi_g = \sigma_g^2 / \sigma_e^2$, a saber, entre 0 e 4 ($\phi_g = h_{y_{ij}}^2 / [1 - h_{y_{ij}}^2]$, sendo $h_{y_{ij}}^2$ a herdabilidade em nível de observações individuais ou de parcelas). Assim, nos casos com progênie de uma única origem ($c=1$), foram considerados seis valores alternativos de variância genética ($\sigma_{g_k}^2$ ou simplesmente σ_g^2): 0,05; 0,25; 0,50; 1,00; 2,00; ou 4,00. E, nos casos com progênie de diferentes origens ($c=5$), os valores de $\sigma_{g_k}^2$ foram tomados sob duas situações alternativas: i) ensaios com cruzamentos de variâncias genéticas mais heterogêneas ($\sigma_{g_1}^2 = 0,05$; $\sigma_{g_2}^2 = 0,50$; $\sigma_{g_3}^2 = 1,00$; $\sigma_{g_4}^2 = 2,00$; e $\sigma_{g_5}^2 = 4,00$); ou, ii) ensaios com cruzamentos de variâncias genéticas menos heterogêneas ($\sigma_{g_1}^2 = 0,30$; $\sigma_{g_2}^2 = 0,50$; $\sigma_{g_3}^2 = 0,70$; $\sigma_{g_4}^2 = 0,90$; e $\sigma_{g_5}^2 = 1,10$).

Os tamanhos dos experimentos variaram conforme o número de cruzamentos (c), o de progênie dentro de cruzamentos (p_k) e o de blocos (b), como descrito na Tabela 4.1. Os cruzamentos foram tomados sempre de maneira ortogonal aos blocos (todos os blocos recebendo todos os cruzamentos) e o número p_k foi comum para todos os cruzamentos, dentro de cada experimento. Embora os menores experimentos não sejam muito realistas em termos do número de novos tratamentos (muito baixo), é mister avaliar, nesse tipo de estudo, a tendência dos métodos de estimação quando este número vai sendo reduzido.

As combinações de variâncias $\sigma_{g_k}^2$ e tamanhos c , p_k e b , perfizeram, então, 178 casos experimentais. Para cada caso foram simulados 50 experimentos (conjuntos de dados), os quais foram submetidos, individualmente, aos diferentes métodos de estimação. O programa *SAS* utilizado para a geração de cada experimento é fornecido no Apêndice 4.1. O procedimento envolveu três etapas: i) a simulação de um experimento de uniformidade (em branco), com incidência, nas parcelas, apenas dos efeitos de blocos (b_j) e de erros (e_{ijk}); ii) a geração dos efeitos de cruzamentos (C_k) e de genótipos dentro de cruzamentos ($g_{i(k)}$) a incidirem em cada parcela (as testemunhas tiveram $g_{i(k)}=0$); e iii) a sobreposição dos efeitos de tratamentos ($C_k+g_{i(k)}$) sobre o expe-

Tabela 4.1. Tamanhos dos experimentos em termos dos números de: cruzamentos (c), progênies dentro de cruzamento (p_k), tratamentos (v), blocos (b), tamanho de blocos (k) e total de observações (n).

c	p_k	v	$b = 3$		$b = 6$		$b = 12$		$b = 24$		$b = 48$	
			k	n	k	n	k	n	k	n	k	n
1	3	5	3	9	--	--	--	--	--	--	--	--
1	6	8	4	12	3	18	--	--	--	--	--	--
1	12	14	6	18	4	24	3	36	--	--	--	--
1	24	26	10	30	6	36	4	48	3	72	--	--
1	48	50	18	54	10	60	6	72	4	96	3	144
1	96	98	34	102	18	108	10	120	6	144	4	192
1	192	194	--	--	34	204	18	216	10	240	6	288
5	3	17	7	21	--	--	--	--	--	--	--	--
5	6	32	12	36	7	42	--	--	--	--	--	--
5	12	62	22	66	12	72	7	84	--	--	--	--
5	24	122	42	126	22	132	12	144	7	168	--	--
5	48	242	--	--	42	252	22	264	12	288	7	336
5	96	482	--	--	--	--	42	504	22	528	12	576

Obs.:1) $v=p+t$, sendo p o número total de progênies ($p=\sum_k p_k$; $k=1,2,\dots,c$ cruzamentos) e t o número de testemunhas, $t=2$.

2) Caselas com o sinal "--" correspondem aos experimentos que não foram gerados, seja por não acomodarem todos os cruzamentos em todos os blocos, seja por apresentarem tamanhos excessivos de blocos ($k>50$ parcelas).

rimento em branco. Cada conjunto de dados (experimento) foi, então, disposto numa planilha ou arquivo, denominado 'ARQ_ORIG' (*dataset SAS*), com observações em suas linhas, identificadas por colunas indicadoras do 'BLOCO', 'CRUZ' (cruzamento), 'GENOT' (genótipo) e 'PG' (variável resposta). Além disso, foram criadas as variáveis auxiliares (colunas) 'NEW1', 'NEW2', 'NEW3'..., conforme o número de cruzamentos, as quais permitem associar, durante a análise, cada novo tratamento à sua origem (adaptado de Wolfinger *et al.*, 1997).

2.3. Procedimentos estatístico-computacionais de estimação

A estimação dos componentes de variância $\sigma_{g_k}^2$ ($k=1,2,\dots,c$; com $c=1$ ou $c=5$) e σ_e^2 foi feita, para cada experimento, através de quatro métodos: *ANOVA*, *MIVQUE(0)*, *ML* e *REML* (detalhes teóricos em Searle *et al.*, 1992; Rao & Kleffe, 1988; Searle, 1987). No método *ANOVA*, as esperanças de quadrados médios utilizadas para se computar as referidas estimativas basearam-se num tipo particular de Soma de Quadrados, a *SQ tipo III* do *SAS*. Segundo Littell & McCutchan (1987), estimativas de componentes de variância obtidas dessa forma enquadram-se na categoria do *método 3 de Henderson*. Logo, o método *ANOVA* aqui utilizado pode também ser referido como *Henderson-3*.

Todos esses métodos encontram-se, de alguma forma, implementados no sistema *SAS*. Foram, então, empregados principalmente os seus procedimentos para análise de modelos lineares, o *PROC GLM* (*procedure for general linear models*) e o *PROC MIXED* (*procedure for mixed*

linear models). Os comandos e instruções utilizados para a execução das análises são listados a seguir para cada um dos métodos.

a) *Estimação ANOVA (Henderson-3):*

```
proc glm data=ARQ_ORIG;
  class BLOCO CRUZ GENOT;
  model PG=BLOCO CRUZ GENOT(CRUZ);
  contrast 'GenCrz1' GENOT(CRUZ) 1 -1 0,
          GENOT(CRUZ) 0 1 -1;
  random GENOT(CRUZ);
  lsmeans GENOT(CRUZ)/slice=CRUZ;
run; quit;
```

Num breve resumo, os significados das instruções contidas neste programa são: o comando '**data=**' especifica o arquivo *dataset* a ser analisado pelo '**proc glm**'; a linha '**class**' lista as variáveis de classificação a serem consideradas na análise dos dados; o comando '**model**' especifica os efeitos (fontes de variação) envolvidos no modelo de análise, incluindo, no caso do *PROC GLM*, os efeitos fixos e aleatórios (apesar disso, os efeitos aleatórios devem ser informados novamente ao comando '**random**'); e a opção '**slice=CRUZ**', de '**lsmeans**', permite desdobrar os efeitos de genótipos dentro de cruzamentos, '**GENOT (CRUZ)**', para cada um dos cruzamentos. O comando '**contrast**', exemplificado só para o primeiro cruzamento (**GenCrz1**), assumido com 3 genótipos (progênies), tem aqui apenas a função de produzir a $E(QM)$ para a fonte de variação 'Genótipos dentro do Cruzamento k ', uma vez que os QM 's para cada um destes desdobramentos já são fornecidos pela opção '**slice**'. Informações mais detalhadas sobre o uso destes comandos podem ser buscadas em SAS Institute (1997).

O *PROC GLM*, na realidade, não produz explicitamente as estimativas dos componentes de variância. Mas, lista através do comando '**random**' a $E(QM)$ para cada fonte de variação no modelo, incluindo a de contrastes especificados, desde que estes sejam informados antes da instrução '**random**'. Assim, as estimativas *ANOVA* dos componentes de interesse são obtidas equacionando-se as expressões de $E(QM)$ com os respectivos quadrados médios obtidos:

$$E(QM_{\text{Erro}}) = \sigma_e^2 \Rightarrow \hat{\sigma}_e^2 = QM_{\text{Erro}}; \text{ e}$$

$$E(QM_{\text{Genot./Cruz.k}}) = \sigma_e^2 + K\sigma_{g_k}^2 \Rightarrow \hat{\sigma}_{g_k}^2 = (QM_{\text{Genot./Cruz.k}} - QM_{\text{Erro}}) / K.$$

O coeficiente ' K ' (função de certos atributos de tamanho do experimento) é fornecido numericamente pelo *SAS*, como resultado da utilização do comando '**random**' do *PROC GLM*. Mas, pode também ser obtido pela seguinte expressão (derivada de informações de Harvey, 1970; Marcelino, 1998; e Iemma *et al.*, 1993):

$$K = \text{tr} [\mathbf{Z}_k' \mathbf{A} \mathbf{Z}_k] / (p_k - 1)$$

em que:

tr : é o operador traço de uma matriz (soma dos elementos de sua diagonal principal);

\mathbf{Z}_k : é a matriz de incidências dos efeitos aleatórios de genótipos dentro do cruzamento k ($k=1,2,\dots,c+t$), ou seja, uma partição da matriz \mathbf{Z} tal que: $\mathbf{Z} = [\mathbf{Z}_1 | \mathbf{Z}_2 | \dots | \mathbf{Z}_{c+t}]$; e

\mathbf{A} : é a matriz núcleo da forma quadrática $\mathbf{y}'\mathbf{A}\mathbf{y}$ correspondente à $SQ_{Genot./Cruz.k}$ (simétrica e idempotente), dada por: $\mathbf{A} = \mathbf{a}(\mathbf{a}'\mathbf{a})^{-1}\mathbf{a}'$, com $\mathbf{a}' = \lambda' \mathbf{M}_{\mathbf{Z}_k}^+$; sendo λ' , uma matriz de posto linha completo com os coeficientes dos $(p_k - 1)$ contrastes elementares dos efeitos genotípicos dentro do cruzamento k , e $\mathbf{M}_{\mathbf{Z}_k}^+$, a partição associada a \mathbf{Z}_k na inversa generalizada de Moore-Penrose da matriz $\mathbf{M} = [\mathbf{X} | \mathbf{Z}]$.

b) *Estimação MIVQUE(0)*:

```
proc mixed data=ARQ_ORIG method=mivque0;
  class BLOCO CRUZ GENOT;
  model PG=BLOCO CRUZ;
  random GENOT (CRUZ) /group=CRUZ;
run;
```

No *PROC MIXED*, a opção '**method=**' permite escolher entre três alternativas para a estimação dos componentes de variância (*REML*, *ML* ou *MIVQUE(0)*), sendo que, neste caso, optou-se por *MIVQUE(0)*. Diferentemente do *PROC GLM*, no *PROC MIXED* apenas os efeitos fixos são informados ao comando '**model**', enquanto '**random**' continua recebendo somente os efeitos aleatórios. Aqui, este último comando, através da opção '**group=**', especifica um modelo misto em que os efeitos aleatórios apresentam uma matriz diagonal de componentes de variância, com heterogeneidade entre os cruzamentos e variância comum $\sigma_{g_k}^2$ dentro do k -ésimo cruzamento (Littell *et al.*, 1996). O uso da opção '**group=**', entretanto, pode aumentar grandemente o número de parâmetros de covariância a serem estimados, podendo, inclusive, afetar o processo de otimização (SAS Institute, 1997). Assim, quando o número de testemunhas e/ou o de cruzamentos com uma só progênie forem elevados, pode ser vantajoso substituir a correspondente linha de comandos por: '**random GENOT*NEW1 GENOT*NEW2 GENOT*NEW3;**' (exemplo com 3 cruzamentos). Isto porque, nesta alternativa, apenas os cruzamentos com duas ou mais progênies são especificados, o que reduz a dimensão da matriz de efeitos aleatórios a ser trabalhada computacionalmente. Vale observar que as variáveis auxiliares '**NEW1**', '**NEW2**', ... não devem ser listadas como variáveis de classificação no comando '**class**', pois, somente definem covariáveis específicas que agrupam os genótipos dentro de seus respectivos cruzamentos.

Ao contrário do *PROC GLM*, o *PROC MIXED* calcula e fornece diretamente as estimativas dos componentes de variância para os efeitos listados no comando ‘**random**’. Ademais, são fornecidos os erros padrão aproximados dessas estimativas, obtidos sob a suposição de que, assintoticamente, elas possuem distribuição normal (Littell *et al.*, 1996). Esta medida, em princípio, representa um critério comparativo da precisão associada às estimativas de cada método.

c) *Estimação ML:*

```
proc mixed data=ARQ_ORIG
  method=ml;
  class BLOCO CRUZ GENOT;
  model PG=BLOCO CRUZ;
  random GENOT (CRUZ) /
  group=CRUZ;
run;
```

d) *Estimação REML:*

```
proc mixed data=ARQ_ORIG
  method=reml;
  class BLOCO CRUZ GENOT;
  model PG=BLOCO CRUZ;
  random GENOT (CRUZ) /
  group=CRUZ;
run;
```

Nota-se que, para trocar o método de estimação dos componentes de variância, no *PROC MIXED* do *SAS*, é suficiente substituir o nome ou sigla informada à opção ‘**method=**’. Se nada for informado, o procedimento utiliza *REML* como padrão (*default*). Para os métodos *ML* e *REML*, ambos iterativos, o tempo de processamento pode elevar-se consideravelmente, sobretudo no caso de experimentos com grande número de cruzamentos. Assim, reitera-se que pode ser vantajoso substituir a linha do comando ‘**random**’ pela alternativa que usa as variáveis auxiliares ‘**NEW1**’, ‘**NEW2**’, ... (item b). Esta opção, contudo, jamais reduzirá o tempo de processamento da análise ao nível dos tempos de métodos não iterativos (*ANOVA* e *MIVQUE*).

2.4. Avaliação da qualidade dos estimadores

Considerando-se que, em estudos de simulação, os parâmetros populacionais (no caso: σ_e^2 e $\sigma_{g_k}^2$; com $k=1,2,\dots,c$) são verdadeiramente conhecidos, a avaliação da qualidade de cada estimador é direta. Dois critérios foram utilizados para este propósito: a *tendenciosidade* (*viés*) e o *erro quadrático médio* (*eqm*). O primeiro, definido como: $viés = E(\hat{\theta}) - \theta$, avalia a posição das estimativas $\hat{\theta}$ ($\hat{\sigma}_e^2$ ou $\hat{\sigma}_{g_k}^2$), produzidas por um dado método, em relação ao respectivo parâmetro θ (σ_e^2 ou $\sigma_{g_k}^2$). Já o segundo, definido como: $eqm = E(\hat{\theta} - \theta)^2$, avalia o grau de dispersão das estimativas $\hat{\theta}$ em relação a θ , para cada parâmetro e método. Na prática, os valores esperados foram obtidos como média aritmética dos 50 experimentos simulados para cada caso. Valores de baixa magnitude para ambos os critérios indicam boa qualidade de um estimador de componente de

variância. Ao contrário, um elevado valor absoluto de *viés* indica tendenciosidade do estimador (superestimação, se $viés > 0$, e subestimação, se $viés < 0$), e, um alto valor de *eqm* reflete sua baixa precisão ou eficiência relativa.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Tratamentos novos de uma só população

A listagem completa dos resultados sobre a qualidade das estimativas de componentes de variância, obtidas pelos quatro métodos e nos *casos* em que as progênies (tratamentos novos) originaram-se de um único cruzamento (população), é apresentada no Apêndice 4.2. Esta discussão, contudo, basear-se-á numa síntese parcial destes resultados, representada pelas Figuras de 4.1 a 4.4, para as quais foram escolhidas apenas duas relações representativas: $\phi_g = 0,25$ e $\phi_g = 2,00$ ($h_{y_{ij}}^2 = 0,2$ e $h_{y_{ij}}^2 \cong 0,7$, respectivamente). Para simplificar a notação, como neste caso tem-se $k=c=1$ cruzamento, o parâmetro σ_{gk}^2 será referido simplesmente como σ_g^2 e suas estimativas como $\hat{\sigma}_g^2$.

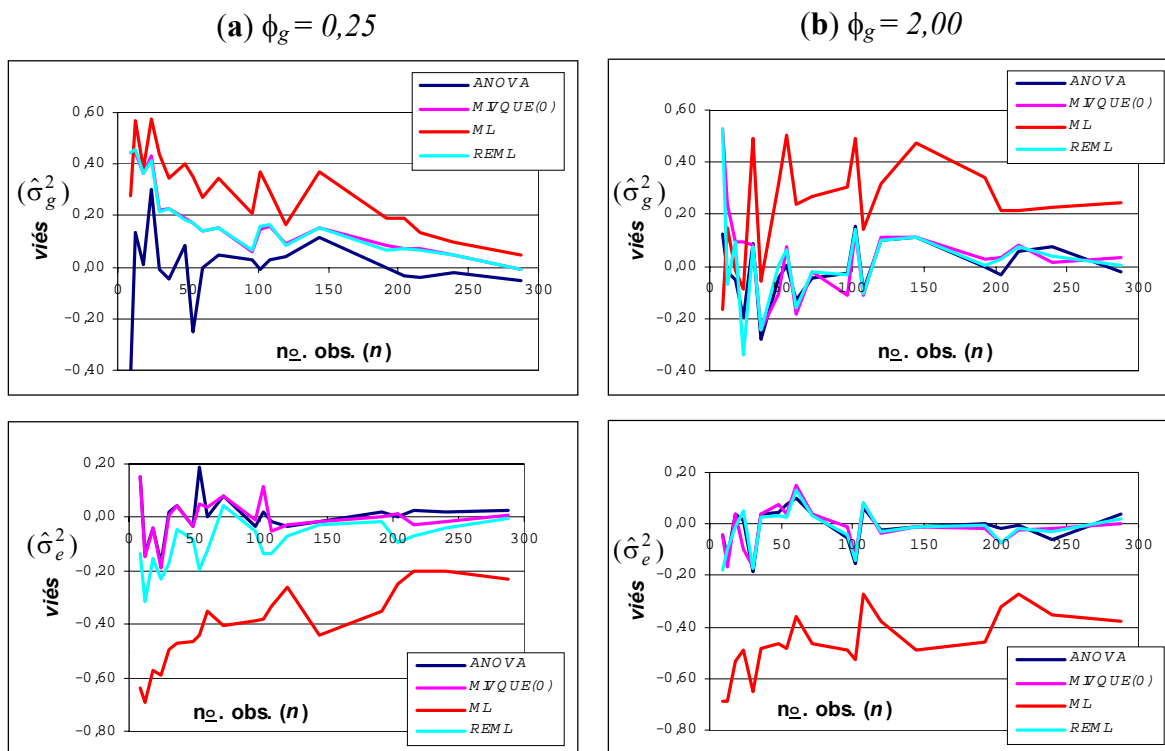


Figura 4.1. Tendenciosidade (*viés*) das estimativas de componentes de variância ($\hat{\sigma}_g^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$), obtidas pelos métodos *ANOVA*, *MIVQUE(0)*, *ML* e *REML*, em função do número de observações experimentais (n), sob dois valores (**a** e **b**) da relação $\phi_g = \sigma_g^2 / \sigma_e^2$.

Observando-se o comportamento dos estimadores *ANOVA*, *MIVQUE(0)*, *ML* e *REML*, sob variações no tamanho dos experimentos (n , b e p_k), pôde-se constatar que, para os ensaios maiores ($n > 200$ e $b \geq 12$), todos os métodos, exceto *ML*, apresentaram estimativas de boa qualidade. Note-se os viéses (Figura 4.1) e *eqm*'s (Figura 4.2) tendendo para zero, em função do aumento no número de observações (n). Essa convergência das estimativas, nos métodos *ANOVA*, *MIVQUE(0)* e *REML*, ocorre mais rapidamente para σ_e^2 do que para σ_g^2 , especialmente, quando a relação ϕ_g cresce, afastando-se de zero. Apesar do comportamento similar dos três métodos, as vantagens de um ou outro puderam ser notadas, sobretudo, nos experimentos menores, merecendo, assim, a devida caracterização.

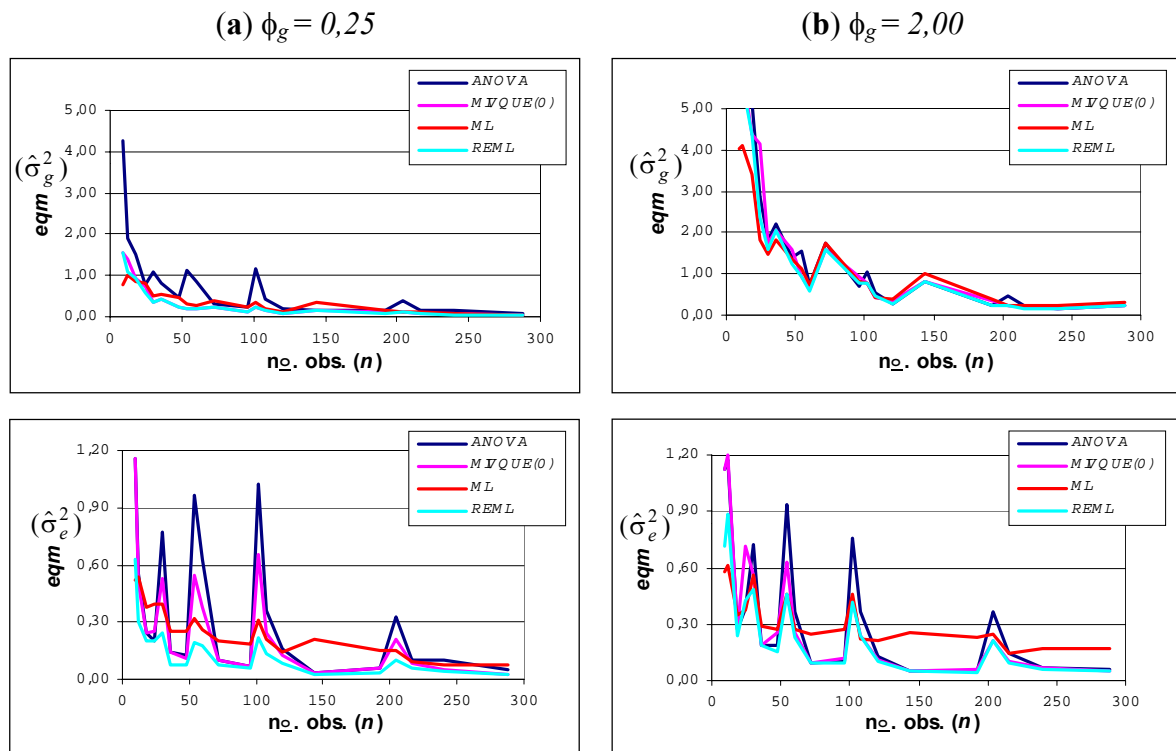


Figura 4.2. Dispersão (*eqm*) das estimativas de componentes de variância ($\hat{\sigma}_g^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$), obtidas pelos métodos *ANOVA*, *MIVQUE(0)*, *ML* e *REML* em função do número de observações experimentais (n), sob dois valores (a e b) da relação $\phi_g = \sigma_g^2 / \sigma_e^2$.

Antes, porém, de analisar a qualidade das estimativas de cada método, é conveniente ressaltar que um número elevado de observações (n), por si só, não é suficiente para caracterizar um experimento em blocos aumentados como grande. Notem-se os picos de viés e *eqm* (Figuras 4.1 e

4.2), especialmente para $\hat{\sigma}_e^2$, resultantes de reduções no número de blocos (b), apesar de n crescente (por compensação em p_k). Um experimento com, por exemplo, $b=4$ blocos, $t=3$ testemunhas (repetidas uma vez em cada bloco) e $p_k=220$ progênies (repetidas uma só vez no experimento), apesar de possuir $n=232$ unidades experimentais, não pode, certamente, ser considerado grande; pois, sua análise de variância apresentará apenas *seis* graus de liberdade para o *erro* ou *resíduo*. Dado que o número de testemunhas, na prática, raramente é superior a *quatro*, necessita-se de um número de blocos mais elevado para se ter um experimento realmente grande do ponto de vista estatístico. Por exemplo, para $t=4$, exige-se $b>4$ para se garantir pelo menos *dez* graus de liberdade ao *resíduo* (número mínimo sugerido por Pimentel Gomes, 1990). A Figura 4.3 ilustra o desaparecimento dos principais picos na Figura 4.2(a), quando se tomam apenas os *casos* com todos os atributos do tamanho experimental (n , b e p_k) crescentes.

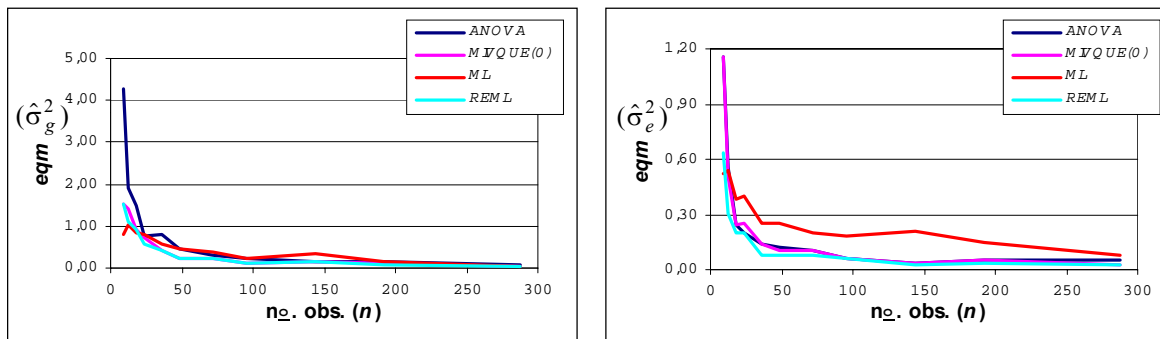


Figura 4.3. Dispersão (eqm) das estimativas de componentes de variância ($\hat{\sigma}_g^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$), obtidas pelos métodos *ANOVA*, *MIVQUE(0)*, *ML* e *REML*, em função do número n de observações experimentais (com b e p_k sempre crescentes), sob uma relação $\phi_g = 0,25$.

Portanto, se a pesquisa tiver como um de seus objetivos estimar eficientemente componentes de variância do tipo σ_g^2 e σ_e^2 , mesmo que o número de progênies seja elevado (ex: $p_k=96$ ou 192), não se deve planejar experimentos com $b<6$, mas, preferencialmente, com $b>10$ (Figura 4.4). Nesse sentido, vale acrescentar que, em termos de planejamentos eficientes, cada bloco deve ser ainda de pequeno tamanho e bastante homogêneo (Gomez & Gomez, 1984).

Voltando-se à avaliação da qualidade das estimativas de componentes de variância, pôde-se constatar que, para a amplitude dos tamanhos de experimentos avaliados ($n=9$ a 288 , $b=3$ a 48 , e blocos de tamanho $k=3$ a 34), o método *ML* mostrou-se sempre tendencioso, tanto para σ_e^2 como para σ_g^2 . O método produziu, consistentemente, subestimativas de σ_e^2 e, possivelmente por um efeito de compensação (dada a variabilidade total fixa), superestimativas de σ_g^2 (Figuras 4.1 e 4.4).

Além disso, os conjuntos de estimativas $\hat{\sigma}_{e ML}^2$ tenderam a mostrar *eqm*'s entre os mais elevados, exceto nos experimentos com baixo número de blocos (picos na Figura 4.2), nos quais *ANOVA* e *MIVQUE(0)* apresentaram *eqm*'s superiores (métodos mais sensíveis à redução em b sobre a precisão de $\hat{\sigma}_e^2$). Diante destas constatações, apesar de as estimativas $\hat{\sigma}_g^2$ não mostrarem problemas de dispersão amostral (Figuras 4.2 e 4.3), conclui-se que o método *ML* não se mostrou apropriado para a estimação dos componentes de variância do modelo em estudo.

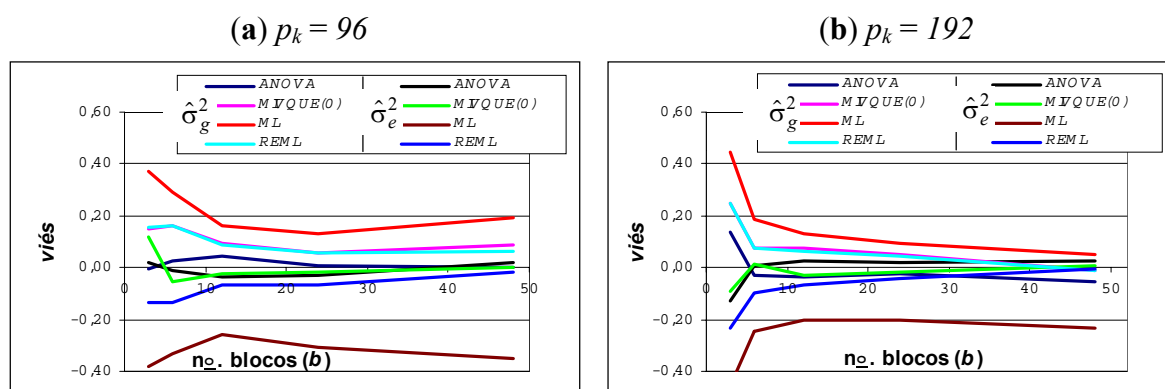


Figura 4.4. Tendenciosidade (*viés*) das estimativas de componentes de variância ($\hat{\sigma}_g^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$), obtidas por *ANOVA*, *MIVQUE(0)*, *ML* e *REML*, em função do número de blocos (b), para dois números fixos de progênes (p_k), sob uma relação $\phi_g = 0,25$.

Teoricamente, o vício das estimativas *ML* é atribuído a dois aspectos: *i*) o fato de o método não levar em conta a perda de graus de liberdade associados à estimação dos efeitos fixos; e *ii*) em decorrência da imposição de restrição de não negatividade nos algoritmos de cálculo (Resende *et al.*, 1996b). Assim, para se eliminar o vício é necessário aumentar o número de observações e de níveis do fator aleatório cujo componente é alvo da estimação. No presente caso, embora a magnitude dos vieses reduziu-se com o aumento do tamanho dos experimentos (Figuras 4.1 e 4.4), o método continuou viesado, para ambos os parâmetros, até o maior destes tamanhos ($p_k=192$, $b=48$ e $n=288$). Henderson (1986) recomenda que *ML* não deve ser usado quando o número de observações for inferior ao número de elementos no vetor β (de efeitos fixos). Os resultados, entretanto, indicam que esta regra é demasiadamente liberal para o modelo aqui avaliado, haja vista que todos os casos analisados satisfizeram tal condição e, mesmo assim, o método mostrou nítida tendenciosidade.

Os resultados contrariam também os obtidos no trabalho de Gonçalves (1984), em que o método *ML* foi o de melhor desempenho, inclusive em experimentos relativamente pequenos (107 observações) e sob $\sigma_g^2 / \sigma_e^2 < 1$. No presente estudo, porém, o método manteve-se viesado até para

experimentos maiores do que o tamanho mínimo em que se revelou superior naquele trabalho. Por outro lado, deve-se ressaltar que, em Gonçalves (1984), os efeitos de blocos, além dos de tratamentos adicionais, foram assumidos como aleatórios. E, realmente, *ML* tende a melhorar o seu desempenho quando se reduz o número de efeitos fixos no modelo. Segundo Resende *et al.* (1996b), o vício associado às estimativas *ML* são tanto maiores quanto maior o posto da matriz **X** (de incidência dos efeitos fixos) em relação ao número total de observações. Por esta razão, quando este posto diminui (poucos parâmetros de efeitos fixos) os métodos *ML* e *REML* tendem a produzir resultados similares (Littell *et al.*, 1996). Dado que, na presente pesquisa, *REML* mostrou um melhor desempenho do que *ML*, é de se esperar que a suposição de aleatoriedade para blocos beneficie a qualidade das estimativas *ML*.

O método *REML*, nos experimentos menores ($n < 120$ e $b \leq 6$) e com relação $\phi_g < 1$, embora em menor intensidade, mostrou um comportamento muito similar a *ML* em termos de vies. Isto é, um vício negativo para as estimativas de σ_e^2 e um vício positivo para as de σ_g^2 . Todavia, em *REML*, a magnitude dos vieses reduziu-se sensivelmente à medida que se aumentou o tamanho dos experimentos e a relação ϕ_g tornou-se igual ou maior que a unidade (Figuras 4.1 e 4.4). Os resultados sugerem que, embora *REML* tenha sido proposto para eliminar o vício de *ML* decorrente dos graus de liberdade dos efeitos fixos (levados em conta em *REML*, mas não em *ML*), a fonte de vício relacionada à restrição de não negatividade continua determinando uma certa tendência. Por isso, quando a variância genotípica relativa (ϕ_g), ou a herdabilidade ($h_{y_{ij}}^2 = \frac{\sigma_g^2}{(\sigma_e^2 + \sigma_g^2)}$), aproxima-se de zero, o método torna-se nitidamente viesado, sobretudo para os experimentos menores.

É oportuno informar que o sistema *SAS*, através da opção ‘**nobound**’ do comando ‘**proc mixed**’, possibilita a estimação de componentes de variância livres da restrição de não negatividade. Isto, entretanto, pode trazer problemas de convergência (ex: verossimilhança infinita), em função de singularidade da matriz **V**, podendo prejudicar ou até interromper o processo de computação (SAS Institute, 1997; Swallow & Monahan, 1984). Esta alternativa não foi avaliada no presente estudo, também porque não representaria o procedimento usual de estimação de componentes de variância, próprio das aplicações *ML* e *REML* em melhoramento genético. Por outro lado, uma avaliação dessa natureza poderia esclarecer se os vieses associados às estimativas *REML*, sob baixos valores de ϕ_g , resultam exclusivamente da referida restrição.

Nos experimentos de tamanho maior ($n \geq 240$ e $b \geq 24$), o viés positivo associado às estimativas *REML* de σ_g^2 só permaneceu para os casos com relações $\phi_g < 0,25$, o que corresponde a

herdabilidades de parcelas inferiores a 0,2. E, as estimativas de σ_e^2 não mostraram mais qualquer tendência perceptível. Sendo assim, nestas condições, *REML* mostra-se bastante favorável. Mas, em termos práticos, se a variabilidade genotípica esperada não for muito baixa ($h_{y_j}^2 > 0,3$), o método fornece estimativas razoáveis desde que $n \geq 120$ e $b > 6$. Ademais, entre os quatro métodos avaliados, *REML* apresentou sempre a menor dispersão amostral (*eqm*) associada às estimativas de σ_e^2 e, para σ_g^2 , *eqm*'s entre os mais baixos, revezando-se com *MIVQUE(0)* e *ML* (Figuras 4.2 e 4.3).

Faz-se necessário esclarecer que, embora o erro padrão assintótico tenha sido sugerido como critério comparativo adicional entre métodos, pôde-se constatar que não se trata de uma medida adequada. Dado que este erro está diretamente relacionado à estimativa da variância aleatória ($\hat{\sigma}_e^2$), o critério favorece deliberadamente o método que subestimar mais fortemente o parâmetro σ_e^2 . Logo, o método *ML*, seguido de *REML*, exibiu sempre os menores valores para esta medida. Este fato permite questionar uma suposta maior precisão, veiculada na literatura, associada a estimativas de médias de tratamentos que são obtidas pelos métodos de máxima verossimilhança. Do que se constatou no presente estudo, é notório que, numa análise de modelo fixo, cujos dados provém de experimentos pequenos, se o componente σ_e^2 for estimado por *ML* (ou *REML*), o intervalo de confiança da média de um tratamento terá amplitude subestimada, sugerindo uma ilusória alta precisão. Vale lembrar, portanto, que estes métodos exigem amostras grandes para garantir propriedades ótimas a seus estimadores.

O método *ANOVA* (*Henderson-3*) mostrou-se realmente não tendencioso na estimação dos dois componentes de variância (σ_g^2 e σ_e^2), sob todas as condições avaliadas, seja de tamanho de experimento, seja da relação ϕ_g (Figuras 4.1 e 4.4). Apesar disso, apresentou grande flutuação nos valores médios de $\hat{\sigma}_e^2$ ($E(\hat{\theta})$'s), em experimentos menores (Figura 4.1), e, quase sempre, os maiores valores para a medida *eqm*, nos conjuntos de estimativas de ambos os parâmetros (Figuras 4.2 e 4.3). Tais fatos prejudicam sensivelmente a qualidade de suas estimativas. Além disso, os valores de *eqm* foram especialmente superiores aos dos métodos concorrentes, para o parâmetro σ_g^2 , indicando que numa análise isolada, na prática, a confiança associada às estimativas *ANOVA* da variância genotípica é quase sempre a mais baixa. Estas constatações deixam o método em desvantagem comparativa a *REML* e *MIVQUE(0)*, para a estimação dos componentes de variância do modelo em questão, sobretudo no caso de experimentos relativamente pequenos ($n \leq 120$; $b \leq 6$ e $p_i \leq 48$).

Outro fato agravante é que, na realidade, a precisão relativa das estimativas *ANOVA* dos componentes de variância pode ser ainda menor do que a sugerida pela estatística *eqm*. Isto porque a magnitude do *eqm* cresce com o aumento do valor absoluto do viés e o método *ANOVA* apresentou, quase sempre, vieses menores do que os seus concorrentes. Por isso, trabalhos recentes têm sugerido a substituição do *eqm* pela estatística: $E\{[(\hat{\theta} - \theta)^2 - v]^2\}$, onde v é o estimador de *eqm* (Sundberg, 1994; Zamora & Pascual, 2000). A nova medida, denominada *erro quadrático médio do erro de predição*, é apresentada por Sundberg (1994) como critério universal para a escolha entre estimadores de variância. Entre suas propriedades, verifica-se que a medida é independente do valor absoluto do viés.

Os resultados acerca do método *ANOVA*, de certa forma, confirmam também a recomendação geral de que seus estimadores de componentes de variância não se prestam adequadamente para modelos mistos com dados desbalanceados (Kelly & Mathew, 1994; Searle *et al.*, 1992; Rao & Kleffe, 1988; Littell & McCutchan, 1987; Swallow & Monahan, 1984; entre outros). Em termos práticos, porém, dada a divulgação e a simplicidade intuitiva de seu procedimento de cálculo, se os experimentos forem suficientemente grandes ($n > 200$; $b \geq 12$ e $p_k > 48$), o método pode ser utilizado sem qualquer receio. E, embora a determinação dos coeficientes associados aos componentes de variância, nas expressões de esperança de quadrados médios, não seja tarefa trivial nesse tipo de situação (modelos mistos com desbalanceamento), isto pode ser operacionalizado facilmente utilizando-se o *PROC GLM* do *SAS* e seu comando ‘**random**’.

Por último, os componentes de variância estimados pelo método *MIVQUE(0)* mostraram duas características marcantes: *i*) suas estimativas de σ_e^2 sempre aproximaram-se daquelas obtidas pelo método *ANOVA*, sendo, portanto, livres de tendenciosidade em quaisquer das condições avaliadas; e *ii*) suas estimativas de σ_g^2 sempre aproximaram-se muito daquelas obtidas pelo método *REML* e, portanto, mostraram um certo viesamento positivo nos experimentos de pequeno tamanho e com baixos valores para a relação ϕ_g (Figuras 4.1 a 4.4). Apesar destas semelhanças, o método *MIVQUE(0)* mostrou superioridade em relação a ambos os concorrentes, em cada uma das situações.

Os conjuntos de estimativas $\hat{\sigma}_{e \text{ MIVQUE}(0)}^2$, embora similares aos de $\hat{\sigma}_{e \text{ ANOVA}}^2$, quase sempre mostraram *eqm*'s inferiores (Figuras 4.2 e 4.3). Logo, as estimativas *MIVQUE(0)* para σ_e^2 , além de livres de vício, são relativamente de menor variância, isto é, de maior precisão. Os *eqm*'s dos conjuntos de estimativas $\hat{\sigma}_{e \text{ MIVQUE}(0)}^2$ somente superaram os de $\hat{\sigma}_{e \text{ REML}}^2$; porém, como já discutido,

estas estimativas *REML* mostraram-se viesadas negativamente nos experimentos menores. Assim, considerando-se o desempenho similar dos métodos *ANOVA*, *REML* e *MIVQUE(0)*, nos experimentos maiores, e a não tendenciosidade incondicional de $\hat{\sigma}_{e\ MIVQUE(0)}^2$, conclui-se que o método *MIVQUE(0)* possui vantagens comparativas aos demais, para estimar o parâmetro σ_e^2 no modelo em estudo.

Na estimação de σ_g^2 , o método *MIVQUE(0)* comportou-se de forma muito similar a *REML*, tanto nos valores obtidos (linhas de viés praticamente confundindo-se nas Figuras 4.1 e 4.4), quanto na dispersão amostral de suas estimativas. Como já mencionado, ambos os métodos tenderam a mostrar um vício positivo para $\hat{\sigma}_g^2$ quando os experimentos foram pequenos ($n < 120$ e $b \leq 6$) e a variância genotípica relativa foi baixa ($\phi_g < 1 \Leftrightarrow h_{y_{ij}}^2 < 0,5$). Contudo, na análise de experimentos um pouco maiores ($n \geq 120$ e $b > 6$), o viés praticamente desapareceu, restringindo-se às situações de baixa herdabilidade ($h_{y_{ij}}^2 < 0,3$). Portanto, os dois métodos destacam-se na estimação do componente σ_g^2 , desde que este parâmetro não seja extremamente reduzido.

Resultados similares são reportados na literatura. Swallow & Monahan (1984) também sustentam que os estimadores *MIVQUE* e *ANOVA* de σ_e^2 usualmente diferem pouco. Já a semelhança entre as estimativas *MIVQUE* e *REML*, talvez se justifique pela normalidade dos dados (gerados sob simulação), uma vez que sob esta condição, a versão *MIVQUE* iterativa, *I-MIVQUE*, equivale a *REML* (Sorensen & Kennedy, 1986; Swallow & Monahan, 1984). Ademais, no *PROC MIXED* do *SAS*, a estimação *REML* de componentes de variância é feita iterativamente tomando-se as estimativas *MIVQUE(0)* como valores de partida.

Neste sentido, os resultados sugerem que as iterações não conseguiram melhorar a qualidade das estimativas iniciais, apesar do maior consumo de tempo e de recursos computacionais em relação a procedimentos não iterativos (ex: *ANOVA* e *MIVQUE*). Sorensen & Kennedy (1986) alertam para este problema quando se referem aos métodos *REML* e *MIVQUE*. De fato, o gasto em memória computacional e tempo em CPU¹ poderá ser substancial na análise de experimentos grandes e com elevado número de níveis do fator aleatório (progênies). E, a menos que a qualidade das estimativas *REML* seja bastante superior, a preferência do analista, nestes casos, recairá sobre os estimadores *MIVQUE*. Seraphin (1984) indicou este método para um modelo de tratamentos hierárquicos semelhante ao aqui avaliado, sobretudo por sua rapidez e eficiência. Littell *et al.*

¹ CPU: Unidade Central de Processamento, em computação.

(1996) acrescentam que *MIVQUE* pode também ser útil quando os processos iterativos falham em atingir convergência. Portanto, a vantagem prática de se optar pelo método *MIVQUE(0)*, em detrimento de *REML*, na análise do presente modelo, pode ser consideravelmente grande.

Nos experimentos pequenos, o ganho relativo ao se fazer esta opção resulta do fato de que *REML* produziu estimativas viesadas para σ_e^2 , enquanto *MIVQUE(0)* o fez imparcialmente. Um bom desempenho comparativo de *MIVQUE(0)* em relação a *REML*, em experimentos relativamente pequenos (situação em que a maioria dos métodos falham) e com $\sigma_g^2/\sigma_e^2 \geq 1$, também foi constatado por Gonçalves (1984), num modelo de blocos aumentados.

Uma insatisfação geral com relação aos estimadores *MIVQUE* é o fato de exigirem, no seu cálculo, valores *a priori* para os componentes de variância (ou para razões do tipo σ_g^2/σ_e^2). No caso de *MIVQUE(0)*, ao componente de erro atribui-se o valor *um* ($\sigma_{e0}^2=1$) e aos demais, o valor *zero* ($\sigma_{g0}^2=0$). Assim, sob desbalanceamento, estes estimadores são ditos de variância mínima apenas localmente, isto é, somente quando os valores preestabelecidos forem corretos (Swallow & Monahan, 1984). Em princípio, este fato pode ter favorecido o método *MIVQUE(0)* na presente pesquisa, haja vista o valor paramétrico $\sigma_e^2=1$ assumido nas simulações. Todavia, Sorensen & Kennedy (1986) asseguram que, numa população sem seleção (uma só geração), as estimativas *MIVQUE* permanecem não viesadas, mesmo sob valores *a priori* incorretos, embora não sejam mais de variância mínima. Outros resultados numéricos indicam que, mesmo sob atribuições paramétricas bastante equivocadas, *MIVQUE* ainda produz estimativas com menor variância do que *ANOVA*, sobretudo para os outros componentes que não o erro (Swallow & Searle, 1978; Rao & Kleffe, 1988). Logo, as vantagens evidenciadas em relação ao método *ANOVA* (menor variância) e em relação a *REML* (não tendenciosidade de $\hat{\sigma}_e^2$ e economia computacional) parecem não depender dos valores iniciais σ_{e0}^2 e σ_{g0}^2 .

Finalmente, pôde-se constatar que um problema de ordem prática ainda permanece: nenhum método se mostrou adequado para estimar σ_g^2 quando a relação ϕ_g foi muito baixa e os atributos de tamanho experimental foram pequenos ($n < 120$, $b < 6$ e $p_k < 24$). Assim, cabe aos melhoristas planejar os seus ensaios com uma atenção especial a tais atributos, procurando garantir tamanhos razoáveis de n , b e p_k , sobretudo quando a diferenciação esperada entre os materiais genéticos for pequena.

3.2. Tratamentos novos de diferentes populações

Os resultados completos, no caso de tratamentos novos com diferentes procedências, são listados no Apêndice 4.3. Mas, novamente, a discussão será ilustrada apenas por representações gráficas (Figuras 4.5 e 4.6) de alguns casos representativos. Aqui, como as progênies tiveram origens distintas ($c=5$ cruzamentos), retorna-se à notação original $\sigma_{g_k}^2$ ($k=1,2,\dots,c$) para a variância de genótipos dentro de cruzamentos.

Em princípio, vale reportar que os métodos não sofreram influências diferenciadas importantes, em *viés* e *eqm*, advindas do fato de os cruzamentos apresentarem, entre si, variâncias genotípicas mais ou menos heterogêneas. Isto é notório, sobretudo, na estimação do parâmetro σ_e^2 (parte superior da Figura 4.5). No caso de $\sigma_{g_k}^2$, apesar da similaridade dos comportamentos relativos, houve uma tendência de os métodos melhorarem mais rapidamente a qualidade de suas estimativas e produzirem resultados mais parecidos entre si, sob menor heterogeneidade das variâncias $\sigma_{g_k}^2$; ou seja, propriedades como não tendenciosidade e baixa variância foram recuperadas a tamanhos experimentais menores quando as populações diferiram menos em suas variâncias genotípicas intrínsecas.

De outro modo, os atributos de tamanho experimental (n ; b ; p_k) exercem influência diferenciada marcante sobre os métodos de estimação. Observe-se novamente os picos de *eqm*, sob n crescente, nítidos para as estimativas $\hat{\sigma}_{e ANOVA}^2$ e $\hat{\sigma}_{e MIVQUE(0)}^2$, os quais resultam dos casos com $b=3$ blocos. Os resultados indicam que a precisão destas estimativas, sobretudo $\hat{\sigma}_{e ANOVA}^2$, é muito afetada pela redução do número de blocos. Já as estimativas $\hat{\sigma}_{e REML}^2$ e $\hat{\sigma}_{e ML}^2$ são menos influenciadas por este aspecto, apesar de evidenciarem uma nítida tendenciosidade sob n baixo, contrariamente a $\hat{\sigma}_{e ANOVA}^2$ e $\hat{\sigma}_{e MIVQUE(0)}^2$ (Figura 4.5).

Na estimação de $\sigma_{g_k}^2$, além dos aspectos relacionados ao tamanho amostral, outro fator que exerceu forte impacto sobre a qualidade das estimativas foi a relação específica $\phi_{g_k} = \sigma_{g_k}^2 / \sigma_e^2$. Tal como nos casos de $c=1$, também aqui ($c=5$), quanto menor o valor de ϕ_{g_k} (ou da herdabilidade básica $h_{y_j}^2$) maior é a chance dos métodos produzirem estimativas diferenciadas, sobretudo quando se reduz o tamanho do experimento (Figura 4.6). Note-se a tendência de maior aproximação entre as linhas dos diferentes métodos, tanto para *viés* como para *eqm*, da esquerda para a direita em cada

(a) sob maior heterogeneidade em $\sigma_{g_k}^2$

(b) sob menor heterogeneidade em $\sigma_{g_k}^2$

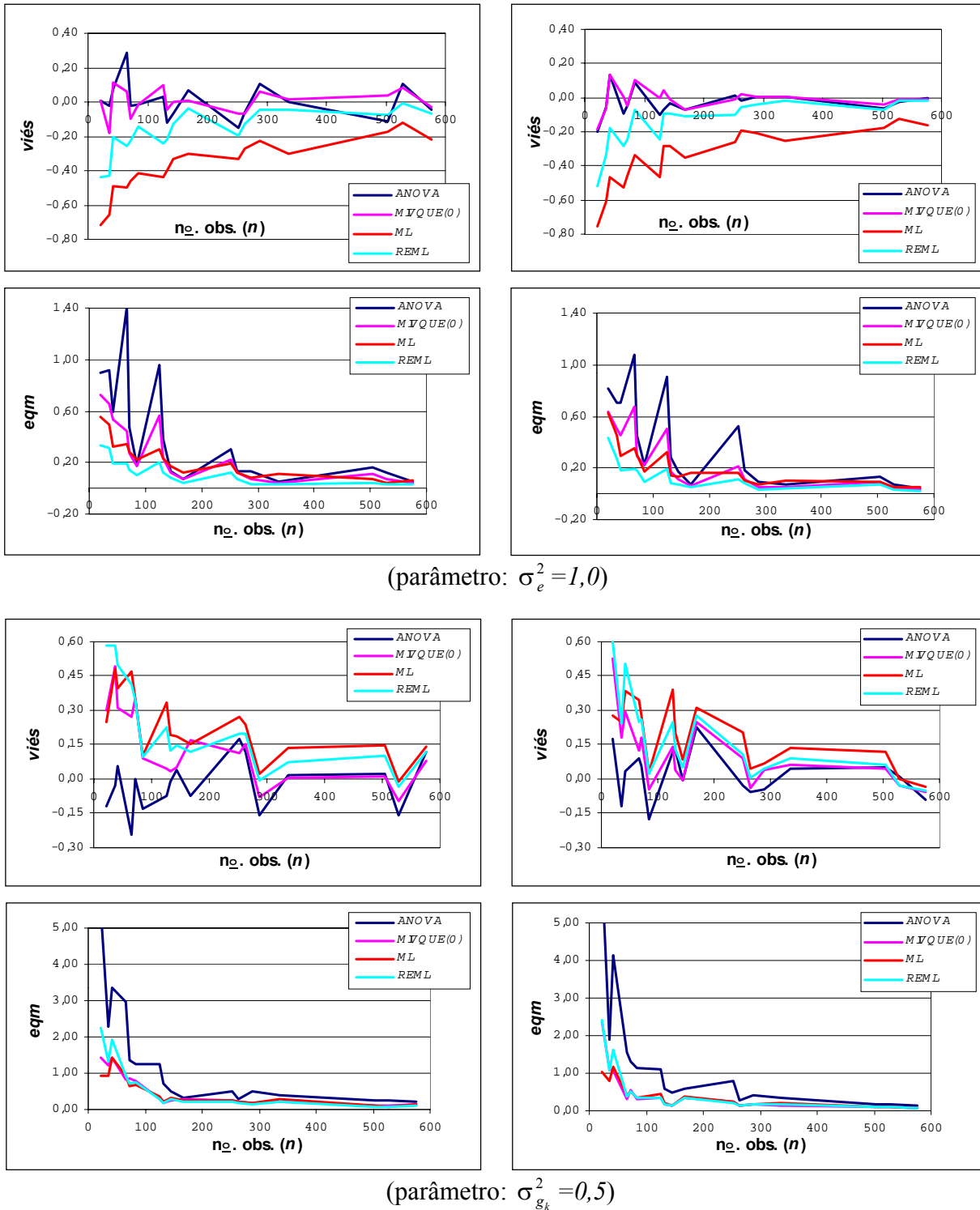


Figura 4.5. Tendenciosidade (*viés*) e dispersão (*eqm*) das estimativas de dois componentes de variância ($\hat{\sigma}_e^2$ e $\hat{\sigma}_{g_k}^2$), obtidas por *ANOVA*, *MIVQUE(0)*, *ML* e *REML*, em função do número de observações experimentais (*n*), e, sob duas condições de heterogeneidade das variâncias $\sigma_{g_k}^2$ ($k=1,2,\dots,5$ origens dos tratamentos adicionais).

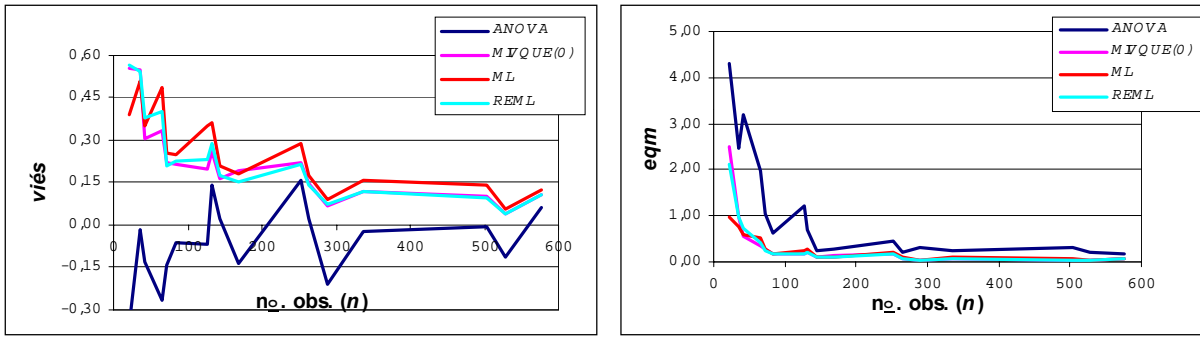
gráfico (aumento do número de observações) e de cima para baixo na Figura como um todo (aumento do valor de ϕ_{g_k}).

De um modo geral, observa-se que, exceto *ANOVA* que não evidenciou vício para quaisquer dos parâmetros, embora sempre com os maiores valores de *eqm*, os outros três métodos produziram superestimativas de $\sigma_{g_k}^2$ quando a relação ϕ_{g_k} foi baixa (reduzida variabilidade genotípica e/ou elevada variação ambiental não controlada). Isto, particularmente quando os experimentos foram pequenos ($n \leq 120$; $b < 12$; $p_k < 12$) e os valores paramétricos $\sigma_{g_k}^2$ ($k=1,2,\dots,5$) diferenciaram-se mais entre os cruzamentos. Essa constatação indica que, para uma população com baixa variabilidade genética (ex: cruzamento com progênies muito similares), os métodos *REML*, *ML* e *MIVQUE(0)* tendem a superestimar a sua variância genotípica e, conseqüentemente, o ganho esperado com a seleção intrapopulacional; a menos que os atributos de tamanho experimental ultrapassem esses limites mínimos, haja vista que em experimentos um pouco maiores ($n=240$; $b=12$; $p_k=12$) a superestimação só se manteve quando $\phi_{g_k} \leq 0,5$ (ou $h_{y_{ij}}^2 \leq 0,3$).

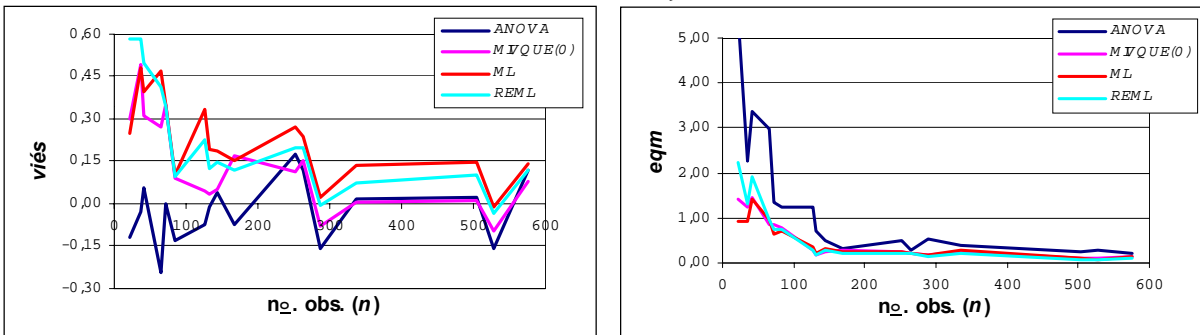
A respeito do tamanho amostral, pôde-se ainda observar que nenhum método produziu estimativas de qualidade para $\sigma_{g_k}^2$ quando o número de progênies por cruzamento foi muito baixo ($p_k < 12$). O método *ANOVA*, apesar de não viesado, também exibiu, nestas condições, grande flutuação nos valores médios ($E(\hat{\theta})$'s) dos conjuntos de estimativas $\hat{\sigma}_{g_k}^2$ (Figura 4.6).

Em síntese, embora simulações com um maior número de cruzamentos sejam necessárias, o comportamento relativo dos métodos mostrou-se muito similar à situação em que as progênies originaram-se de um único cruzamento. Assim, inspecionando-se as Figuras 4.5 e 4.6 pode-se fazer as seguintes constatações: *i*) o método *ANOVA* destacou-se por ser livre de tendência, tanto na estimação de $\sigma_{g_k}^2$ como na de σ_e^2 , porém, mostrou sempre estimativas com a maior dispersão em termos de *eqm* (limitação superada em experimentos grandes); *ii*) o método *MIVQUE(0)* produziu estimativas $\hat{\sigma}_e^2$ de melhor qualidade do que *ANOVA*, pois, além de serem também livres de vício, possuem ainda uma menor dispersão amostral (*eqm*), sobretudo nos experimentos menores; *iii*) as estimativas $\hat{\sigma}_{g_k}^2$ *MIVQUE(0)*, apesar de viesadas positivamente sob $\phi_{g_k} \leq 0,5$ (cruzamentos com baixa variância genotípica) e experimentos de pequeno tamanho ($n < 72$; $b \leq 6$; $p_k < 12$), mostraram também *eqm* inferiores às $\hat{\sigma}_{g_k}^2$ *ANOVA*; *iv*) o método *ML* produziu subestimativas de σ_e^2 e superestimativas de

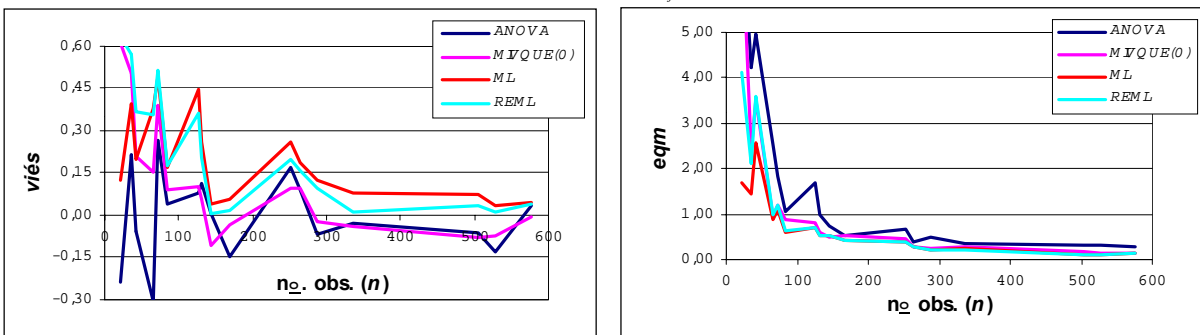
(a) $\phi_{g_k} = 0,05$ ($h_{y_{ij}}^2 \cong 0,05$)



(b) $\phi_{g_k} = 0,50$ ($h_{y_{ij}}^2 \cong 0,30$)



(c) $\phi_{g_k} = 1,00$ ($h_{y_{ij}}^2 = 0,50$)



(d) $\phi_{g_k} = 2,00$ ($h_{y_{ij}}^2 \cong 0,70$)

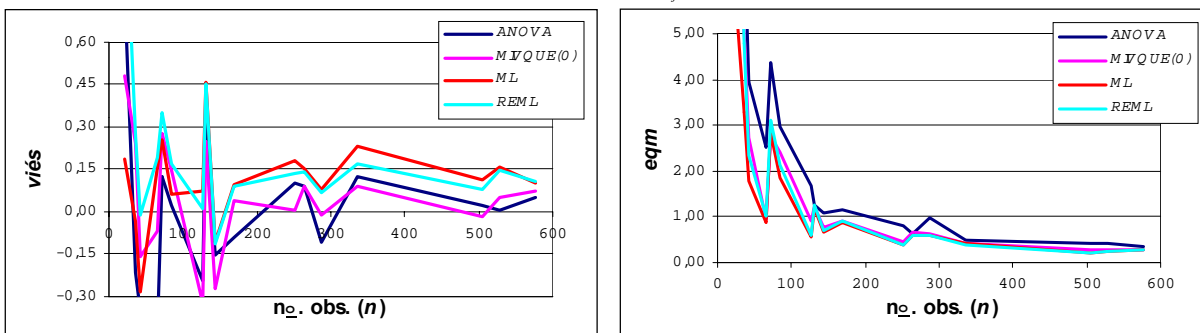


Figura 4.6. Tendenciosidade (*viés*) e dispersão (*eqm*) das estimativas do componente de variância genotípica dentro de cruzamento ($\hat{\sigma}_{g_k}^2$), obtidas por ANOVA, MIVQUE(0), ML e REML, em função do número de observações experimentais (*n*), sob diferentes valores da relação $\phi_{g_k} = \sigma_{g_k}^2 / \sigma_e^2$ ($k=1,2,\dots,5$ origens dos tratamentos adicionais).

$\sigma_{g_k}^2$ quando $\phi_{g_k} \leq 1$, com vícios crescentes quando se reduz o tamanho dos experimentos (abaixo de $n=168$, $b=12$ e $p_k=24$); v) as estimativas $\hat{\sigma}_{e REML}^2$, embora as mais uniformes (menores valores de *eqm*), foram também tendenciosas negativamente até tamanhos experimentais de $n=120$ e $b=12$; e, vi) as estimativas *REML* de $\sigma_{g_k}^2$ estiveram sempre entre as de pior qualidade, tanto em viés (positivo) quanto em *eqm*, sobretudo nos experimentos de menor tamanho.

A novidade em relação aos casos de $c=1$ foi, portanto, o pior desempenho relativo do método *REML* na estimação dos parâmetros $\sigma_{g_k}^2$ ($k=1,2,\dots,c$), inclusive em comparação a *ML*. Na presente situação, o método *REML* somente recuperou qualidades razoáveis, comparativamente aos demais, quando o próprio método *ANOVA* já se mostrava adequado. Assim, a informação geral de que os estimadores *REML* e *ML* (de componentes de variância) são preferíveis em relação aos estimadores *ANOVA*, no caso de dados desbalanceados, não parece válida para o modelo investigado neste estudo. Portanto, também para os casos em que as progênies vieram de diferentes cruzamentos, os métodos baseados em máxima verossimilhança não mostraram vantagens comparativas que justifiquem os maiores recursos computacionais envolvidos. Suas propriedades ideais só foram realmente garantidas nos experimentos maiores. Mas, nestas condições, os resultados obtidos sugerem que os métodos *MIVQUE(0)* e *ANOVA* também produzem estimativas de boa qualidade.

Dessa forma, se forem esperados alguns cruzamentos com variabilidade genotípica muito baixa, resultando em herdabilidades básicas inferiores a 0,3 ($\phi_{g_k} < 0,5$), apenas o método *ANOVA* (*Henderson-3*) produzirá estimativas $\hat{\sigma}_{g_k}^2$ livres de vício para tais cruzamentos. Por razões desse tipo, Gonçalves (1984) apontou o método 3 de *Henderson* como um dos mais indicados sempre que $\sigma_g^2 / \sigma_e^2 < 1$. Resta, contudo, o problema da baixa precisão associada às estimativas *ANOVA*, o qual só poderá ser resolvido com o aumento dos atributos de tamanho experimental. Mas, nesta condição, os demais métodos também melhoram os seus desempenhos relativos. Logo, no caso de $c=5$, ainda persiste o problema de estimar $\sigma_{g_k}^2$ para os cruzamentos de variabilidade genética reduzida, cujas progênies forem testadas em experimentos pequenos. Mais uma vez, recomenda-se, portanto, uma atenção especial aos atributos n , b e p_k (no planejamento experimental) quando se esperam populações (origens dos novos tratamentos) com variabilidade intrínseca baixa.

Optando-se pelo método *ANOVA*, um cuidado especial deve ser reservado à obtenção dos coeficientes associados aos componentes $\sigma_{g_k}^2$ ($k=1,2,\dots,c$), nas respectivas expressões de $E(QM)$. O uso de simplificações práticas pode implicar na introdução de vícios às correspondentes estimativas. Hamawaki (1998) utilizou este método para estimar variâncias genotípicas e os respectivos ganhos esperados com a seleção (gs) dentro de cruzamentos, em soja. Comparando-se os ganhos estimados com os ganhos realmente obtidos após a seleção em campo, o autor encontrou estimativas gs consistentemente inferiores aos ganhos realizados. Uma explicação para este fato pode estar na própria expressão do estimador *ANOVA* das variâncias genotípicas dentro de cruzamentos: $\hat{\sigma}_{g_k}^2 = (QM_{Genot./Cruz.k} - QM_{Erro}) / K$. O autor fez $K=1$. Porém, na realidade, este é o valor máximo que o coeficiente pode atingir quando as progênies têm uma só repetição, em blocos completos aumentados. Como na maioria dos casos, tem-se $K < 1$, sobretudo quando b e p_k são baixos, a adoção simplificada de $K=1$ resultará em subestimativas de $\sigma_{g_k}^2$ e, conseqüentemente, de gs .

Vale informar que, no sistema *SAS*, o uso das estimativas *ANOVA* de componentes de variância, em problemas de predição *BLUP*, contrariamente a *REML*, *ML* e *MIVQUE(0)*, não possibilita a estimação e a predição simultâneas (numa análise única). Assim, primeiramente deve-se obter as estimativas dos componentes de variância, via *PROC GLM*, e, em seguida, esses valores devem ser fornecidos ao *PROC MIXED*, por meio do comando '**parms**', associado às opções '**noiter**' e '**noprofile**', para fins das predições (Federer & Wolfinger, 1998; Littell *et al.*, 1996).

Por outro lado, se não forem esperados cruzamentos com variabilidade genotípica muito baixa e/ou com herdabilidades inferiores a 0,3, o método *MIVQUE(0)* deve ser o preferido. Na presente avaliação, os métodos *ML* e *REML* mesmo quando melhoraram a qualidade de suas estimativas para um dos parâmetros, não o fizeram uniformemente para os demais. Nesse sentido, *MIVQUE(0)* destacou-se como capaz de produzir estimativas de qualidade boa ou média, de forma mais consistente ao longo da série de simulações e para todos os parâmetros sob estimação.

Em resumo, o método produziu estimativas $\hat{\sigma}_e^2$ livres de vício, como o *ANOVA*, e adicionalmente com variância relativamente baixa. Já o vício positivo associado às suas estimativas $\hat{\sigma}_{g_k}^2$, sob relações ϕ_{g_k} muito baixas e experimentos de pequeno tamanho, praticamente desapareceu quando $\phi_{g_k} > 0,5$ e os experimentos atingiram tamanhos usuais na prática. *ML* e *REML* exigiram tamanhos experimentais e valores de ϕ_{g_k} maiores para reduzirem ao mesmo nível o

referido vício. Portanto, *MIVQUE(0)* recuperou mais rapidamente a qualidade das estimativas $\hat{\sigma}_{g_k}^2$ do que os dois métodos concorrentes, quando se aumentou o tamanho amostral e a relação ϕ_{g_k} . Ademais, deve-se reportar que o método já se encontra implementado no *PROC MIXED* do *SAS*, o que permite, com uma análise única e rápida (não iterativa), estimar os componentes de variância e fazer as predições *BLUP* dos valores genotípicos individuais das progênies, simultaneamente.

Considerando o bom desempenho do método *MIVQUE* no presente trabalho, é oportuno reconsiderar algumas críticas a seu respeito. Um dos aspectos levantados é que *MIVQUE*, assim como *MINQUE*, são métodos dependentes do conhecimento prévio dos valores dos componentes de variância e, por isso, teriam pouca utilidade prática. Segundo Lopes *et al.* (1993), estes métodos estabelecem um paradoxo, ou seja, eles produzem estimativas com as propriedades especificadas se e somente se, a matriz \mathbf{V}_0 utilizada *a priori* coincidir com a verdadeira matriz de variâncias e covariâncias das observações (\mathbf{V}). Mas, logicamente, à medida que aumenta a probabilidade de \mathbf{V}_0 ser verdadeira, a necessidade de estimar os seus componentes diminui.

A despeito da legitimidade destas considerações, deve-se mencionar que os algoritmos para a obtenção das estimativas *ML* e *REML* também utilizam valores iniciais arbitrários. Gonçalves (1984) menciona a necessidade de investigar a influência deste aspecto na convergência e na qualidade dos estimadores de máxima verossimilhança. Portanto, a atribuição de valores *a priori* não é exclusividade dos métodos *MINQUE* e *MIVQUE*. Além disso, é suficiente atribuir os pesos correspondentes às razões entre os componentes individuais dos fatores aleatórios e o componente do erro (Littell & McCutchan, 1987). Isto, sem dúvida, é mais fácil do que fornecer diretamente os valores individuais dos componentes de variância, haja vista que relações do tipo ϕ_g ou herdabilidades podem ser razoavelmente aproximadas. Finalmente, segundo Rao & Kleffe (1988), os métodos baseados na abordagem *MINQE*, entre os quais se inclui *MIVQUE*, embora exijam valores *a priori* (pesos), são robustos a variações nestes pesos. Isto é, suas estimativas não são substancialmente afetadas por esta atribuição arbitrária, sobretudo se esta não for feita fora do domínio real destas relações.

4. CONCLUSÕES

De um modo geral, os resultados permitiram concluir que, em experimentos grandes ($n > 200$ observações, $b \geq 12$ blocos e $p_k \geq 24$ progênies por cruzamento) todos os métodos, exceto *ML*, garantem boa qualidade (não tendenciosidade e baixa variância) às estimativas dos componentes de

variância. O método *ML* pode preservar algum vício (positivo para as estimativas de $\sigma_{g_k}^2$ e negativo para as σ_e^2) mesmo sob $n=288$ e $b=48$ (cada bloco com seis parcelas). Ademais, se a estimação de componentes de variância constituir-se num dos objetivos centrais da experimentação, os ensaios (em blocos aumentados) devem ser planejados, preferencialmente, com mais de dez blocos e o número de progênies por cruzamento não deve ser inferior a doze; mesmo que o número total de progênies atinja a casa das centenas.

Reduzindo-se o tamanho dos experimentos, exceto *ANOVA* que se mantém não tendencioso, os outros três métodos (*ML*, *REML* e *MIVQUE*) tendem a superestimar a(s) variância(s) genotípica(s) $\sigma_{g_k}^2$. Isso ocorre principalmente quando a razão entre a(s) referida(s) variância(s) e a variância do erro ($\sigma_{g_k}^2 / \sigma_e^2$) decresce. Particularmente no caso de novos genótipos de uma única origem, entre os três, *ML* é sempre o mais viesado e o de maior variância; enquanto *REML* e *MIVQUE(0)* produzem as melhores estimativas de σ_g^2 , embora com vício positivo sob amostras pequenas e relação σ_g^2 / σ_e^2 baixa. Quando estes genótipos têm diferentes procedências, contudo, as estimativas *REML* das variâncias genotípicas ($\sigma_{g_k}^2$) pioram sensivelmente em comparação às *MIVQUE(0)*. Já na estimação do parâmetro σ_e^2 , o método *MIVQUE(0)*, à semelhança de *ANOVA*, não exhibe qualquer tendenciosidade, enquanto *REML* tende a subestimá-lo cada vez mais à medida que a relação $\sigma_{g_k}^2 / \sigma_e^2$ se reduz. Em comparação a *ANOVA*, o método *MIVQUE(0)* têm sempre a vantagem de produzir estimativas $\hat{\sigma}_e^2$ com menor dispersão amostral (de melhor precisão). E, finalmente, nenhum dos métodos fornece estimativas que combinem imparcialidade e alta precisão para todos os parâmetros, quando os atributos de tamanho experimental forem pequenos ($n < 120$, $b < 6$ e $p_k < 12$) e a relação $\sigma_{g_k}^2 / \sigma_e^2$ for muito baixa. As exigências neste tamanho, entretanto, são menores quando as variâncias $\sigma_{g_k}^2$ forem menos heterogêneas.

Em situações intermediárias, mas ainda com amostras não suficientemente grandes, pode-se concluir que, se forem esperados alguns cruzamentos com variabilidade genética muito baixa ($\sigma_{g_k}^2 / \sigma_e^2 \leq 0,25$), apenas o método *ANOVA* (*Henderson-3*) poderá estimar imparcialmente as variâncias genotípicas destes cruzamentos, embora com precisão relativamente comprometida. Por outro lado, se a expectativa não for esta ($\sigma_{g_k}^2 / \sigma_e^2 > 0,25$), o método *MIVQUE(0)* também garante

estimativas imparciais para todos os parâmetros, e de precisão relativamente alta em comparação a *ANOVA*. Ademais, o método *MIVQUE(0)* já se encontra implementado em pacotes computacionais como o *SAS*, podendo ser prontamente utilizado, tanto para a estimação de componentes de variância, como para a simultânea predição *BLUP* dos valores genotípicos das progênies.

