

ANÁLISIS BAYESIANO DEL CONTROL GENÉTICO DE LA SUPERVIVENCIA EN FAMILIAS F₃ DE POROTO

Bayesian analysis of the genetic control of survival in F₃ families of common bean

Freddy Mora^{1*}; Maria C. Gonçalves-Vidigal¹; Alexandra I. Santos¹

ABSTRACT

The objectives of the present study were to examine the genetic control of the survival in segregant families F₃ of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in southern Brazil over the growing season 2004-2005, to identify genotypes useful for the breeding program of this crop, and determine the genetic association between survival and weight of 100 seeds (P100). A Bayesian approach was used for predicting breeding values and estimating variance components. Survival was recorded as a binary response (dead or alive over the harvest time). The total population consisted of 11520 individual plants. The magnitude of the differences between the best and worst family was as high as 22%, and varied from 57 to 73%. The survival was found to be highly heritable, with posterior mean and Bayesian credible interval of the broad-sense heritability: $H^2 = 53\%$ (43-65%). The genetic advance by direct selection achieved a value of 18%, regarding a selection intensity of 25%. Survival was not correlated with P100 (Pearson = 0.099; Spearman = 0.074), indicating that selection for this trait alone would have little impact on production (from a breeding viewpoint). The Bayesian approach, using Gibbs algorithm, was useful in the genetic evaluation of common bean families, based on a binary response variable.

Key words: genetic improvement, Gibbs sampling algorithm, heritability, *Phaseolus vulgaris*.

RESUMEN

El presente estudio tuvo como objetivos examinar el control genético de la supervivencia en familias segregantes (F₃) de poroto (*Phaseolus vulgaris* L.) en el sur de Brasil, durante la temporada agrícola 2004-2005, identificar genotipos útiles para el programa de mejoramiento del cultivo, y determinar la relación genética de la supervivencia con el peso de 100 semillas (característica de producción; P100). Se utilizó un análisis Bayesiano para la predicción de valores genéticos y la estimación de componentes de varianza.

¹ Universidade Estadual de Maringá, Departamentos de Agronomia y Zootecnia, Av. Colombo 5790 Bloco 05, CEP: 87020-900, Maringá, Paraná, Brasil. E-mail: morapoblete@gmail.com; mvidigal@pop.com.br; alexandraines@hotmail.com; *Autor para correspondencia.

Recibido: 03 de septiembre de 2007.

Aceptado: 17 enero 2008.

Se midió la supervivencia como una característica binaria (planta viva o muerta durante el período de cosecha). La población total analizada consistió en 11.520 plantas individuales. La diferencia en magnitud de la supervivencia entre la mejor y la peor familia fue de 22%, y varió de 57 a 73%. La supervivencia fue una característica altamente heredable, con un valor de heredabilidad promedio *a posteriori* e intervalo de credibilidad Bayesiano: $H^2 = 53\%$: (43-65%). El avance genético por selección directa alcanzó un valor de 18%, considerando una intensidad de selección de 25%. La supervivencia no fue correlacionada con P100 (Pearson = 0,099; Spearman = 0,074), indicando que la selección para la supervivencia tendría poco impacto sobre la producción (desde el punto de vista del mejoramiento genético). El análisis Bayesiano, a través del algoritmo de Gibbs, fue útil en la evaluación genética de familias de poroto, basado en una característica binaria.

Palabras clave: mejoramiento genético, algoritmo de Gibbs, heredabilidad, *Phaseolus vulgaris*.

INTRODUCCIÓN

El poroto es una importante fuente de proteína para el consumo humano, y es cultivado extensivamente en países como Brasil, China, Estados Unidos, India y México. Esta especie es originaria de América y corresponde a un cultivo sin un centro de origen específico, con múltiples centros de domesticación que se ubicaron en América Central, México y Sudamérica (Bascur y Tay, 2005). Según FAO (2005), Brasil representa el principal productor a nivel mundial (con un 11% de la producción total), pero a la vez es el principal consumidor, con un promedio *per capita* de 20 kg año⁻¹. El poroto es cultivado en casi todo el territorio brasileño debido a su amplia adaptabilidad a las condiciones edafoclimáticas, siendo un cultivo importante en los sistemas productivos de pequeños y medianos productores que lo cultivan asociado con otras especies de interés productivo o como monocultivo. El poroto en Brasil ha sido históricamente importante en el aspecto social y económico, especialmente para el Estado de Paraná, que tiene la mayor producción del país (Ceolin *et al.*, 2007).

Dada la existencia de un amplio rango de variabilidad en las poblaciones existentes de *P. vulgaris*, el principal desafío de los productores interesados en mejorar la productividad es optimizar alternativas para acumular genes de interés en genotipos o variedades específicas (Bascur y Tay, 2005; Tay *et al.*, 2006). En Brasil, un aspecto clave para maximizar la productividad en las siembras de poroto, ha sido seleccionar aquellos genotipos que respondan bien a condiciones ambientales específicas, tomando en consideración su productividad y supervivencia por unidad de superficie. Sin embargo, aún cuando existen diversas investigaciones relacionadas al estudio del control genético de los componentes de productividad en

poroto (Kelly *et al.*, 1998; Ceolin *et al.*, 2007; Dawo *et al.*, 2007), los estudios acerca del control genético de la supervivencia en este cultivo han sido relativamente indocumentados en Brasil. Como cualquier otro cultivo agrícola, la mortalidad en el cultivo de poroto puede tener implicancias directas en la productividad y el éxito del cultivo. En el mejoramiento de plantas, diversos estudios han mostrado la importancia de la supervivencia (o el número de plantas efectivamente productivas) en los sistemas de producción comercial (Rojas y Riveros, 2001; Coyle *et al.*, 2006).

La heredabilidad, o el grado de control genético asociado a alguna característica de interés, es uno de los parámetros más importantes dentro del contexto del mejoramiento genético. La heredabilidad indica cuanto de la variabilidad fenotípica es de origen genético, y entrega informaciones objetivas para el proceso de selección genética (Falconer y MacKay, 1996). La precisión de este parámetro depende de una adecuada estimación de los componentes de varianza asociados. En este sentido, la teoría de modelos lineales mixtos ha sido extensamente aplicada en la evaluación genética, lo que ha permitido la evaluación de genotipos en diferentes programas de selección (Mora y Scapim, 2007). En general, la predicción del valor genético de los genotipos (familias, clones, procedencias, etc.) y la identificación de aquellos genéticamente superiores, dependen de la correcta estimación de los parámetros genéticos.

En el contexto del mejoramiento genético de plantas, los métodos Bayesianos pueden ser utilizados eficientemente en la estimación de componentes de varianza, incluyendo la heredabilidad y las correlaciones genéticas, y en la predicción de los valores genéticos (Mora y Arnhold, 2006; Mora *et al.*, 2007). El análisis Bayesiano se basa en el conocimiento de la distribución *a posteriori* de los parámetros genéticos y viabiliza la conformación de intervalos de confianza (o de credibilidad en el contexto Bayesiano) para las estimaciones de tales parámetros (Gianola y Fernando, 1986). Los métodos denominados Cadenas de Markov-Monte Carlo (MCMC) permiten el análisis eficiente de superficies complejas de verosimilitud y el cálculo de las distribuciones Bayesianas *a posteriori* (Cadena-Meneses y Castillo-Morales, 2000; Mora *et al.*, 2007). Por esta razón, Walsh (2001) mencionó que en las próximas décadas existirá una fuerte tendencia al uso de tales procedimientos, reemplazando a la metodología basada solamente en la función de verosimilitud.

Los objetivos del presente estudio fueron evaluar el control genético de la supervivencia en familias segregantes (F_3) de poroto, evaluados en el sur de Brasil en la temporada agrícola 2004-2005; identificar genotipos útiles para el programa de mejoramiento del cultivo; y determinar la relación genética de la supervivencia con una característica de producción, con fines de selección indirecta. Los resultados de

este estudio mejorarán el conocimiento acerca del control genético de la supervivencia en poroto, y permitirá el avance eficiente del programa de mejoramiento iniciado en el sur de Brasil.

MATERIALES Y MÉTODOS

Origen del material genético

Se utilizaron 24 familias segregantes de poroto común (generación F₃) provenientes de un programa de mejoramiento genético del Núcleo de Investigación Aplicada a la Agricultura (NUPAGRI), del Estado de Paraná, sur de Brasil. Este programa comenzó en 2002 a través de un cruzamiento dialélico que utilizó los siguientes cultivares comerciales: IPR-Juriti, FT-Soberano, IAC-Tybatã, BRSMG-Talismã, BRS-Campeiro e IPR Uirapuru. Posteriormente se seleccionaron las mejores combinaciones híbridas, en condiciones de invernadero, hasta la generación F₃ (Gonçalves-Vidigal *et al.*, 2005).

Experimento de campo

Las 24 familias se sembraron en un experimento de campo durante la temporada 2004-2005, establecido en la estación experimental de la Empresa de Investigación Agropecuaria y Extensión Rural de Santa Catarina S.A. (EPAGRI), localizada en Chapecó (27°07' S; 52°37' O; 679 m.s.n.m.), sur de Brasil.

Se utilizó un diseño de bloques completos al azar, con cuatro bloques. El experimento consistió en cuatro hileras espaciadas a 0,5 m y con 4,0 m de largo, representando un área total de 8,0 m². El área útil de experimentación fue de 3,6 m² al considerar sólo las dos líneas centrales. La densidad de plantación fue de 15 plantas por metro lineal, conformando 120 plantas por parcela.

Mediciones

Se colectaron datos de supervivencia en un análisis de plantas individuales durante la temporada agrícola 2004-2005. El total de plantas analizadas correspondió a 11.520. Esta característica se midió como una respuesta binaria, considerando dos eventos biológicos posibles: planta viva o muerta dentro de una parcela determinada. Subsecuentemente, la variable respuesta supervivencia tiene una distribución Bernoulli, la cual tomó dos valores: 0 ó 1; en que 0 corresponde al valor asignado para una planta muerta y 1 para planta viva.

Adicionalmente, con el objetivo de evaluar la asociación entre la supervivencia y una característica de producción, se midió el peso de 100 semillas (g), el cual se obtuvo a través de la colecta aleatoria de 100 semillas provenientes de cada parcela experimental.

Estimaciones de parámetros genéticos

Se calculó la heredabilidad en sentido amplio (H^2) o grado de control genético para la característica de supervivencia, usando la siguiente expresión:

$$H^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_p^2} = \frac{(\sigma_a^2 + \sigma_d^2)}{(\sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_e^2)}$$

donde σ_g^2 y σ_p^2 son las varianzas genotípica y fenotípica, respectivamente, σ_a^2 y σ_d^2 son las varianzas aditiva y de efectos de dominancia, respectivamente, y σ_e^2 corresponde a la varianza residual.

Se analizó el avance genético o ganancia genética debido a la selección directa, para la característica de supervivencia estimada a través de los valores genéticos del efecto familiar: efectos genéticos aditivos más no aditivos (o efectos de desvío de dominancia).

Se calcularon correlaciones de Pearson y de Spearman entre los valores genéticos familiares de supervivencia y peso de 100 semillas, para establecer la asociación por selección indirecta (Spearman) y genética (Pearson) entre ambas características.

Análisis estadístico

Se utilizó un enfoque Bayesiano implementado a través del algoritmo de Gibbs, variante de los métodos de Monte Carlo-Cadenas de Markov (MCMC). En este análisis estadístico se consideró el modelo umbral (Van-Tassell *et al.*, 1998), considerando los efectos genéticos aditivos y de desvíos de dominancia de las 24 familias originadas de auto-polinización (generación F₃). El modelo implementado corresponde a:

$$\eta = X\beta + Za + Wd + \varepsilon$$

donde η es el vector de una variable aleatoria continua, normalmente distribuida, no observable (desconocida), y correspondiente a la variable supervivencia (característica de interés); β es el vector con el efecto de bloque (considerando una distribución *a priori* uniforme); a y d son los vectores de los efectos aditivos y de dominancia de las plantas individuales (distribución *a priori* normal); X , Z y W corresponden a las matrices de incidencia de los respectivos efectos. ε es el vector de efectos residuales con distribución

a priori normal. Se consideró que los componentes de varianza siguen una distribución previa Chi-cuadrado invertida; caso univariado (Van-Tassell y Van Vleck, 1996).

El programa MTGSAM (Van-Tassell y Van Vleck, 1996) se utilizó para obtener las densidades posteriores de los componentes de varianza, heredabilidad en sentido amplio y valores genéticos de los parámetros (Van-Tassell *et al.*, 1998) de acuerdo al procedimiento empleado por Mora *et al.* (2007).

Se evaluó la estacionalidad de las cadenas generadas por el algoritmo de Gibbs (convergencia) a través del método de Heidelberger y Welch (1983) disponible en el programa estadístico R-CODA (Cowles y Carlin, 1995).

Se calcularon intervalos de confianza Bootstrap (Efron, 1979) con 95% de probabilidad para los coeficientes de correlación de Pearson y Spearman, a través de la generación de 1000 muestras aleatorias con reemplazo, utilizando los procedimientos SURVEYSELECT y CORR de SAS (SAS Institute, 1996), de acuerdo con Mora y Arnhold (2006).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La supervivencia fue moderada, alcanzando un valor promedio de 65% en el ensayo. La diferencia en magnitud entre la mejor y la peor familia (FFC-21 y FFC-3) fue de 22%, variando de 57 a 73%. Las estimaciones de los componentes de varianza y heredabilidad en sentido amplio se presentan en el **Cuadro 1**. Las distribuciones *a posteriori* de los parámetros de interés se muestran en la **Figura 1**. Las estimaciones del promedio de la varianza genética (y sus componentes aditivos y no aditivos) fueron diferentes de la mediana y moda, indicando una asimetría en la distribución.

El estadístico de Heidelberger y Welch (1983) indicó una respuesta positiva a la convergencia de la cadena de Gibbs de cada parámetro, considerando 20 000 muestras con 5000 de descarte (*burn-in*). En la **Figura 1** se muestra el resultado de estas iteraciones, considerando tres muestras como intervalo de muestreo final.

La supervivencia fue una característica altamente heredable, con promedio *a posteriori* de la heredabilidad de $H^2 = 53\%$, e intervalo de credibilidad de 43-65%. Las estimaciones del valor promedio de la heredabilidad fueron muy similares a la mediana y moda, indicando carencia de asimetría en la distribución (**Figura 1**). Los valores puntuales de la varianza aditiva fueron superiores a los de la varianza

de dominancia en aproximadamente 27%. Sin embargo, la estimación por intervalo (95% de probabilidad) incluyó las estimaciones puntuales de la varianza debidas a los desvíos de dominancia.

Cuadro 1. Estimaciones de varianzas aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), de dominancia ($\hat{\sigma}_d^2$), genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$) y fenotípica ($\hat{\sigma}_p^2$), y de heredabilidad en sentido amplio (\hat{H}^2) para supervivencia, en 24 familias segregantes de poroto común evaluadas en el sur de Brasil, en la temporada agrícola 2005.

Table 1. Estimates of the additive ($\hat{\sigma}_a^2$), dominance ($\hat{\sigma}_d^2$), genotypic ($\hat{\sigma}_g^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$) and phenotypic ($\hat{\sigma}_p^2$) variances, and broad-sense heritability (\hat{H}^2) for survival, in 24 segregant families of common bean evaluated in southern Brazil, over the growing season 2005.

Parámetro	Promedio	Mediana	Moda	Intervalo de credibilidad	
				Inferior	Superior
$\hat{\sigma}_a^2$	0,173	0,160	0,142	0,100	0,290
$\hat{\sigma}_d^2$	0,127	0,120	0,107	0,070	0,210
$\hat{\sigma}_g^2$	0,300	0,290	0,268	0,190	0,460
$\hat{\sigma}_e^2$	0,252	0,250	0,250	0,250	0,260
$\hat{\sigma}_p^2$	0,552	0,540	0,518	0,440	0,710
\hat{H}^2	0,534	0,536	0,531	0,432	0,648

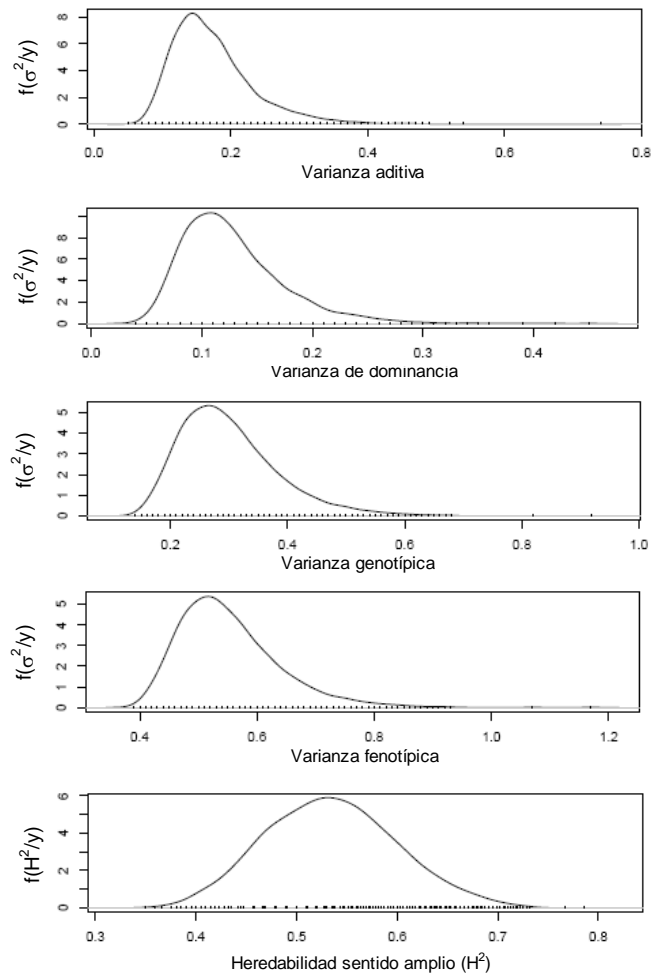


Figura 1. Distribuciones de los componentes de varianza y heredabilidad en sentido amplio, para la característica de supervivencia en familias de poroto común evaluadas en el sur de Brasil en la temporada agrícola 2004-2005.

Figure 1. Posterior distributions of the variance components and broad-sense heritability, for survival trait in common bean families evaluated in southern Brazil, over the growing season 2004-2005.

$f(\sigma^2/y)$ y $f(H^2/y)$ son las funciones de densidades de las varianzas y heredabilidad, respectivamente.

El control genético de la supervivencia en poblaciones de mejoramiento de poroto, ya sea debido a los efectos aditivos y de desvíos de dominancia, está relativamente indocumentado en Brasil. Los estudios han enfocado sus esfuerzos principalmente en el conocimiento de características de producción. Por ejemplo, Barelli *et al.* (2000) encontraron una mayor acción de los efectos no aditivos para las características producción de granos y número promedio de semillas por planta. En las características peso promedio de semillas y número total de vainas por planta, se evidenció una mayor acción de los efectos

genéticos aditivos. La comprensión de las contribuciones relativas de los componentes genéticos y ambientales en el control de la variación de características de interés es un aspecto crucial para los programas de mejoramiento (Anbessa *et al.*, 2006).

La variabilidad genética significativa encontrada en esta población de mejoramiento para la característica de supervivencia, indica una situación favorable para la selección directa de familias endogámicas de poroto. La cuantificación de la variabilidad genética es también importante en los programas de selección de poroto común, ya que revela la estructura genética de las poblaciones de mejoramiento (Ceolin *et al.*, 2007). La estrategia adoptada en el programa de mejoramiento permite realizar avances en los respectivos ciclos de selección, incluyendo la característica de supervivencia. Ceolin *et al.* (2007) afirmaron que los programas de mejoramiento realizados a través de hibridaciones son habitualmente usados en el cultivo de poroto, con el objetivo de obtener poblaciones segregantes con alta producción por unidad de superficie y otras características de interés con amplia variabilidad genética.

Con los resultados de la evaluación genética de las familias de poroto fue posible seleccionar familias que respondieron mejor en cuanto a su valor de supervivencia. Este resultado es mostrado en el **Cuadro 2**, donde se presentan las seis mejores familias. El avance genético por selección directa alcanzó un valor de 18%, considerando una intensidad de selección de 25%. Las desviaciones estándar fueron similares para cada valor genético de las familias evaluadas. Los intervalos de credibilidad Bayesianos (95%) no incluyeron valores cero o negativos en su límite inferior, indicando que es posible seleccionar estos genotipos con un grado de confianza significativo. Según Wright *et al.* (2000) el análisis Bayesiano es importante en la evaluación genética, ya que considera la variabilidad existente en los parámetros del modelo y los valores de predicción de los efectos genéticos. Éstos pueden ser caracterizados no tan sólo por la moda, mediana o el promedio de la distribución *a posteriori*, si no también a través de los intervalos de credibilidad (o intervalos de confianza en el caso tradicional de evaluación).

En la **Figura 2** se muestra un gráfico de dispersión relacionando la clasificación (ranking) de las 24 familias de poroto común, según supervivencia y peso de 100 semillas. La línea trazada en el gráfico entrega una medida de relación entre las dos variables, cuyo valor de R^2 fue de 0,0045. En el **Cuadro 3** se presentan los resultados de los coeficientes de correlación de Spearman (0,074) y Pearson (0,099), incluyendo intervalos de confianza bootstrap. Los coeficientes de correlación fueron bajos y no significativamente diferentes de cero ($p > 0,05$) de acuerdo al estadístico t-Student. Los intervalos de confianza bootstrap fueron coincidentes con el valor de significancia, ya que éstos incluyeron el valor cero de correlación.

Cuadro 2. Predicción de valores genéticos de las mejores seis familias de poroto, basada en la supervivencia de las plantas, determinada a través de inferencia Bayesiana (algoritmo de Gibbs).

Table 2. Predicting breeding values of the best six common bean families, based on plant survival, obtained using a Bayesian approach (Gibbs sampling algorithm).

Familia	Promedio	Mediana	Moda	Desviación estándar	Intervalo de credibilidad	
					Límite inferior	Límite superior
FFC-21	0,261	0,260	0,252	0,096	0,139	0,384
FFC-13	0,256	0,255	0,267	0,096	0,135	0,378
FFC-11	0,147	0,146	0,147	0,091	0,030	0,264
FFC-17	0,144	0,143	0,128	0,092	0,028	0,261
FFC-22	0,138	0,136	0,125	0,092	0,021	0,255
FFC-15	0,136	0,135	0,124	0,092	0,018	0,254
GG (25%)	18,03 %					

GG (25%): ganancia genética considerando un 25% de intensidad de selección.

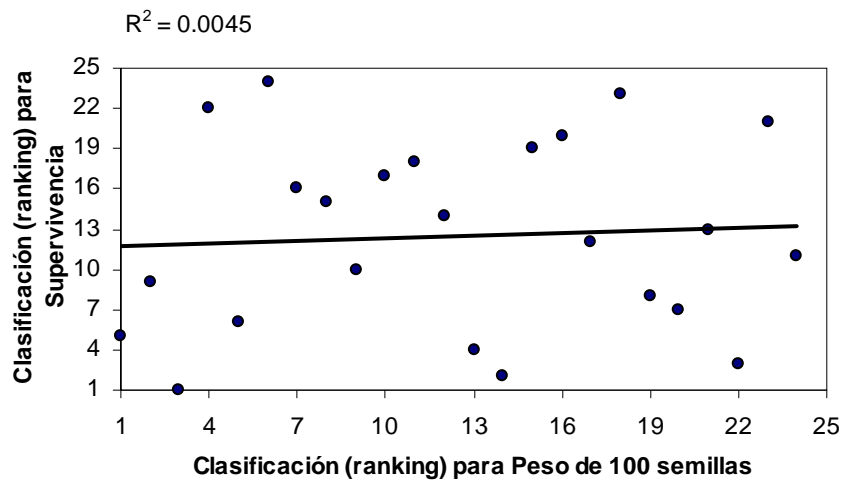


Figura 2. Gráfico de dispersión con la clasificación (ranking) de las familias de poroto común (ranking) en cuanto a la supervivencia y el peso de 100 semillas.

Figure 2. Scatter plot matrix with the rank of common bean families based on survival versus weight of 100 seeds.

Cuadro 3. Coeficientes de correlación de Pearson (entre valores genéticos) y de Spearman (ranking) calculados entre las características supervivencia y peso de 100 semillas, en 24 familias segregantes de poroto común evaluadas en el sur de Brasil.

Table 3. Pearson correlation (among breeding values) and Spearman rank correlation coefficients (among ranks) calculated between survival and weight of 100 seeds, in 24 segregant families of common bean evaluated in southern Brazil.

Valor estimado	Coeficientes de correlación	
	Spearman	Pearson
Promedio	0,074	0,099
Desviación estándar	0,230	0,221
Límite inferior (<i>bootstrap</i>)	-0,332	-0,314
Límite superior (<i>bootstrap</i>)	0,442	0,413
Significancia estadística (t-Student)	0,733	0,647

El peso de 100 semillas es considerada una característica importante dentro de los programas de mejoramiento de poroto común. Singh *et al.* (1991) mostraron que la selección para el peso de las semillas no tan sólo dará un mayor peso por cada 100 semillas, sino que también más semillas por superficie plantada. En el presente estudio los resultados indicaron una asociación genética no significativa entre peso de 100 semillas y supervivencia (correlación de Pearson entre los valores genéticos), y los coeficientes de correlación de Spearman indicaron que la selección basada en la supervivencia de las plantas no tendrá ningún impacto significativo sobre la selección indirecta basada en el peso de 100 semillas. Éste es un aspecto relevante dentro del presente programa, ya que Ceolin *et al.* (2007), en un programa de mejoramiento conducido en el estado de Paraná, encontraron que las características número de vainas por planta, número de semillas por vaina y peso de 100 semillas, son componentes importantes para la obtención de una alta productividad. Aunque también, recientemente, Dawo *et al.* (2007) han determinado que el peso de 100 semillas tuvo una respuesta no correlacionada con otros componentes de producción, donde las plantas que presentaron una alta productividad también tuvieron un menor tamaño de semillas.

CONCLUSIONES

En el presente estudio, el control genético de la supervivencia fue alto, permitiendo la identificación de genotipos útiles para este programa de mejoramiento, y la selección de familias segregantes de poroto considerando su valor genotípico, con una predicción de ganancia genética razonable.

Desde el punto de vista del mejoramiento genético, la selección basada en la supervivencia puede tener poco impacto sobre algunos componentes de producción, y viceversa. Este resultado es relevante y debería ser considerado dentro de este programa de mejoramiento conducido en el sur de Brasil.

El análisis Bayesiano, a través del algoritmo de Gibbs, puede ser una herramienta importante en la evaluación de genotipos de poroto, basado en la supervivencia de las plantas, cuya respuesta es analizada a través de una variable de tipo binario.

LITERATURA CITADA

- Anbessa, Y., T. Warkentin, A. Vandenberg, and R. Ball. 2006. Inheritance of time to flowering in chickpea in a short-season temperate environment. *J. Heredity* 97:55-61.
- Barelli, M.A.A., M.C. Gonçalves-Vidigal, A.T. Amaral-Júnior, P.S. Vidigal-Filho, C.A. Scapim, and E. Sagrilo. 2000. Diallel analysis for grain yield and yield components in *Phaseolus vulgaris* L. *Acta Sci., Agron.* 22:883-887.
- Bascur, G.B., y J.U. Tay. 2005. Colecta, caracterización y utilización de la variabilidad genética en germoplasma chileno de poroto (*Phaseolus vulgaris* L.). *Agric. Téc. (Chile)* 5:135-146.
- Cadena-Meneses, J.A., and A. Castillo-Morales. 2000. Variance component estimation, a comparison supported by simulation. *Agrociencia* 34:343-352.
- Ceolin, A.C.G., M.C. Gonçalves-Vidigal, and P.S. Vidigal-Filho. 2007. Genetic divergence of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) group Carioca using morpho-agronomic traits by multivariate analysis. *Hereditas* 144:1-9.
- Cowles, M.K., and B.P. Carlin. 1995. Markov Chain Monte Carlo diagnostics: A comparative review. *J. Am. Stat. Soc.* 91:883-904.
- Coyle, D.R., M.D. Coleman, J.A. Durant, and L.A. Newman. 2006. Survival and growth of 31 *Populus* clones in South Carolina. *Biomass Bioenerg.* 30:750-758.

- Dawo, M.I., F.E. Sanders, and D.J. Pilbeam. 2007. Yield, yield components and plant architecture in the F3 generation of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) derived from a cross between the determinate cultivar 'Prelude' and an indeterminate landrace. *Euphytica* 156:77-87.
- Efron, B. 1979. Bootstrap methods: another look at the jackknife. *Ann. Stat.* 7:1-26.
- Falconer, D.S., and T.F.C. MacKay. 1996. Introduction to quantitative genetics. 464 p. 4th ed. Longman, New York, USA.
- FAO. 2005. Base de datos FAOSTAT. Disponible en <http://faostat.fao.org> (Leído 3 de septiembre de 2005).
- Gianola, D., and R.L. Fernando. 1986. Bayesian methods in animal breeding theory. *J. Animal Sci.* 63:217-244.
- Gonçalves-Vidigal, M.C., L. Silvério, and P.S. Vidigal Filho. 2005. Diallel analysis of the combining ability of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivars. *Bean Improvement Cooperative Annual Report* 48. p. 184-185. Michigan State University, East Lansing, Michigan, USA.
- Heidelberger, P., and P.D. Welch. 1983. Simulation run length control in the presence of an initial transient. *Oper. Res.* 31:1109-1114.
- Kelly, J., J.M. Kolkman, and K. Schneider. 1998. Breeding for yield in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Euphytica* 102:343-356.
- Mora, F., and E. Arnhold. 2006. Application of the Bayesian inference and mixed linear model method to maize breeding. *Cien. Inv. Agr.* 33:185-190.
- Mora, F., S. Perret, C.A. Scapim, E.N. Martins, and M.P. Molina. 2007. Source-dependent blooming variability of *Eucalyptus cladocalyx* in the Region of Coquimbo, Chile. *Cien. Inv. Agr.* 34:99-106.
- Mora, F., y C.A. Scapim. 2007. Predicción de valores genéticos del efecto de poblaciones de maíz evaluadas en Brasil y Paraguay. *Agric. Téc. (Chile)* 67:139-146.
- Rojas, L.P., y F.B. Riveros. 2001. Efecto del método y edad de las plántulas sobre el prendimiento y desarrollo de injertos en melón (*Cucumis melo*). *Agric. Téc. (Chile)* 61:262-274.
- SAS Institute. 1996. Statistical analysis system: User's guide. 956 p. SAS Institute, Cary, North Carolina, USA.
- Singh, S.P., H. Teran, A. Molina, and J.A. Gutierrez. 1991. Genetics of seed yield and its components in common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) of Andean origin. *Plant Breed.* 107:254-257.
- Tay, J., A. France, y A. Pedreros. 2006. Astro-INIA: primera variedad de poroto granado tipo coscorrón de hábito de crecimiento determinado arbustivo. *Agric. Téc. (Chile)* 66:416-419.
- Van Tassell, C.P., and L.D. Van Vleck. 1996. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. *J. Animal Sci.* 74:2586-2597.

- Van Tassell, C.P., L.D. Van Vleck, and K.E. Gregory. 1998. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a multiple-trait threshold model and Gibbs sampling. *J. Animal Sci.* 76:2048-2061.
- Walsh, B. 2001. Quantitative genetics in the age of genomics. *Theor. Popul. Biol.* 59:175-184.
- Wright, D.R., H.S. Stern, and P.J. Berger. 2000. Comparing traditional and Bayesian analyses of selection experiments in animal breeding. *J. Agric. Biol. Environ. Stat.* 5:240-256.