



Análise frequentista e bayesiana no melhoramento da cana-de-açúcar

Tamys Luiz Fernandes, Elizabeth Fonsêca Processi, Flavia Alves da Silva, Alexandre Pio Viana, Leonardo Siqueira Glória

A cana-de-açúcar é uma cultura agrícola de singular importância para a agricultura brasileira. Pesquisas em diferentes locais no melhoramento genético da cultura com clones e cultivares são fundamentais para a liberação de cultivares superiores. Os dados experimentais do melhoramento de plantas são transformados em informações por meio de inferências - frequentista e bayesianas - que fornecem subsídios para diferentes interpretações sobre o valor genético dos genótipos. A metodologia de modelos mistos REML/BLUP é utilizada com frequência nos programas de melhoramento genético, devido à versatilidade e confiabilidade do método. A abordagem bayesiana gera estimação de parâmetros com base em densidade de probabilidades, utilizando algoritmos inseridos no método Monte Carlo via Cadeia de Markov (MCMC), que possuem diferentes propriedades de convergência. O algoritmo Hamiltoniano é uma geração subsequente de algoritmos de simulação bayesiana, que melhora a predição quando a característica não apresenta distribuição normal. Pode reduzir fortemente as autocorrelações de iterações sucessivas e tende a ser mais rápido na obtenção da distribuição a posteriori. Desse modo, este projeto propõe comparar metodologias bayesianas - utilizando os algoritmos Amostrador de Gibbs e Monte Carlo Hamiltoniano (HMC) - com a metodologia REML/BLUP na avaliação das variáveis - produtividade (ton/ha), teor de sólidos solúveis, açúcares totais recuperáveis, açúcares redutores e fibra - além da estimação componentes genéticos de cultivares e clones de cana-de-açúcar. Serão utilizados dados de colheita de três experimentos instalados nos municípios de Miracema, Bom Jesus do Itabapoana e Santo Antônio de Pádua, localizados na região Noroeste do estado do Rio de Janeiro. Os experimentos foram conduzidos de acordo com as especificações técnicas para a cultura da cana-de-açúcar. As colheitas foram realizadas em dois cortes, cana planta e cana primeira soca, sendo avaliadas as cultivares RB966928 (RB855156xRB815690), RB867515 (RB454x?), RB855536 (SP70-1143xRB72454), RB969017 (F36-819x?) e os clones RB006995, RB058046 e RB098022. O método REML/BLUP será aplicado por meio do procedimento PROC MIXED no software SAS. As avaliações bayesianas serão realizadas no software RStudio, empregando o pacote, empregado o pacote MCMCglmm :: MCMglmm. A convergência da cadeia de Markov será testada pelo critério de Geweke, usando o pacote coda :: geweke.diag. Espera-se que a metodologia HMC seja validada e que haja diferença na precisão das estimativas das variáveis analisadas pelas diferentes metodologias.

Instituição do Programa de IC, IT ou PG: Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de plantas - UENF