

**ANÁLISE FREQUENTISTA E BAYESIANA NA ESTIMAÇÃO DE  
PARÂMETROS GENÉTICOS DA CANA-DE-AÇÚCAR**

**TAMYS LUIZ FERNANDES**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO – UENF**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
DEZEMBRO - 2022**

# ANÁLISE FREQUENTISTA E BAYESIANA NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DA CANA-DE-AÇÚCAR

**TAMYS LUIZ FERNANDES**

“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Orientador: Prof. Leonardo Siqueira Glória

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
DEZEMBRO – 2022

### **FICHA CATALOGRÁFICA**

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

F363

Fernandes, Tamys Luiz.

Análise frequentista e bayesiana na estimação de parâmetros genéticos da cana-de-açúcar / Tamys Luiz Fernandes. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2022.

63 f.

Bibliografia: 34 - 47.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2022.

Orientador: Leonardo Siqueira Gloria.

1. Bayesiana. 2. REML. 3. Cana-de-açúcar. 4. Bioenergia. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

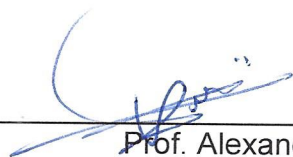
# ANÁLISE FREQUENTISTA E BAYESIANA NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DA CANA-DE-AÇÚCAR

**TAMYS LUIZ FERNANDES**

“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas”

Aprovada em 08 de dezembro de 2022.

Comissão Examinadora:



Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF



Dr.<sup>a</sup> Flavia Alves da Silva (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF



Dr.<sup>a</sup> Elizabeth Fonsêca Processi (D.Sc., Ciência Animal) - UFRRJ



Prof. Leonardo Siqueira Glória (D.Sc., Ciência animal) - UENF  
(Orientador)

## **DEDICATÓRIA**

Dedico aos meus familiares: filhos, esposa, pais, irmãos, avós e tias.

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço ao Programa de Genética e Melhoramento de Plantas (PGGMP) - UENF, estendendo a gratidão a todos professores, administrativos, pesquisadores e estudantes que fizeram parte da minha jornada.

Agradeço ao professor Leonardo Glória pela orientação, pelas explicações, ensinamentos e pronta atenção.

Agradeço aos conselheiros, professor Alexandre Viana, pesquisadores Flavia Alves da Silva e Caio Correa pelas contribuições, apontamentos e direcionamentos.

Agradeço à conselheira Elizabeth Processi pela parceria, apoio e contribuição científica do trabalho.

Agradeço à equipe de coordenação do PGGMP, representada pelo professor Alexandre Viana, pela celeridade nas requisições.

Agradeço ao secretário da Pós-Graduação de Genética e Melhoramento de Plantas, senhor Daniel, pela proatividade, auxílio e esclarecimentos sobre assuntos administrativos.

Agradeço aos amigos de UFRRJ – Jair, Willian, Giovane, Josimar, Isabela, Paulo, Ana, Leôncio, José Luiz, Elizabeth, Letícia, José Marcos, Raphaella, Celso e Josil - pelo convívio, trabalhos coletivos e contínuos, antes e durante o período de mestrado.

Agradeço ao Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar/UFRRJ e aos entes da RIDESA por seus produtos, estudos e apoio.

Agradeço à UFRRJ por permitir trabalhar em horário especial com compensação flexível para cursar o mestrado.

Aos meus pais, agradeço por tudo, pelo apoio incessante e incondicional. À minha esposa, agradeço por todo suporte, amor, carinho e doação do seu tempo. À minha filha Alícia e Pedro (a caminho) agradeço por poder pensar e por estar com eles.

Agradeço a todos os autores que contribuíram para a execução de todas as fases dessa dissertação e, mais especialmente, por minha formação.

Agradeço ao verdadeiro Deus, que guia, protege, ensina e nos enobrece com amor.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

## LISTA DE SÍMBOLOS

ATR – Açúcares totais recuperáveis  
BLUP – *Best Linear Unbiased Prediction*  
BRX – Teor de sólidos solúveis - Brix  
FIB – Fibra  
PC – Pol % da cana  
PCC – Pol % da cana corrigido  
REML – *Restricted Maximum likelihood*  
TAH – Toneladas de açúcar por hectare  
TAR – Toneladas de açúcares redutores por hectare  
TCH – Tonelada de colmo por hectare  
TPH – Tonelada de Pol por hectare  
UFAL – Universidade Federal de Alagoas  
UFPI – Universidade Federal de Piauí  
UFPR – Universidade Federal do Paraná  
UFRPE – Universidade Federal Rural de Pernambuco  
UFSCar – Universidade Federal de São Carlos  
UFV – Universidade Federal de Viçosa  
UFG – Universidade Federal de Goiás  
UFMT – Universidade Federal de Mato Grosso  
CTC – Centro de Tecnologia Canavieira  
IAC – Instituto Agrônomo de Campinas



RIDESA – Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor

Sucroenergético

MCMC – *Monte Carlo Markov Chain*

GS – *Gibbs Sampling* (Amostrador de Gibbs)

## SUMÁRIO

|                                                        |    |
|--------------------------------------------------------|----|
| <b>RESUMO</b>                                          | ix |
| <b>ABSTRACT</b>                                        | xi |
| <b>1. INTRODUÇÃO</b>                                   | 1  |
| <b>2. OBJETIVOS</b>                                    | 4  |
| 2.1. OBJETIVO GERAL                                    | 4  |
| 2.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS                             | 4  |
| <b>3. REVISÃO DE LITERATURA</b>                        | 5  |
| 3.1. ASPECTOS GERAIS DA CULTURA                        | 5  |
| 3.2. CLASSIFICAÇÃO BOTÂNICA DA CANA-DE-AÇÚCAR          | 6  |
| 3.3. MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR           | 7  |
| 3.3.1. Parâmetros genéticos                            | 9  |
| 3.4. Métodos de estimações de componentes de variância | 11 |
| 3.4.1. <i>REML/BLUP</i>                                | 11 |
| 3.4.2. Inferência Bayesiana                            | 12 |
| 3.4.2.1. <i>Gibbs Sampling</i>                         | 15 |
| <b>4. MATERIAL E MÉTODOS</b>                           | 17 |
| 4.1. MATERIAL VEGETAL                                  | 17 |
| 4.2. DELINEAMENTO EXPERIMENTAL                         | 20 |
| 4.3. VARIÁVEIS MENSURADAS                              | 20 |
| 4.4. ANÁLISE ESTATÍSTICA                               | 21 |
| <b>5. RESULTADOS E DISCUSSÃO</b>                       | 23 |

|                                        |           |
|----------------------------------------|-----------|
| <b>6. CONCLUSÕES .....</b>             | <b>33</b> |
| <b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b> | <b>34</b> |
| <b>APÊNDICE.....</b>                   | <b>48</b> |

## RESUMO

FERNANDES, Tamys Luiz; MSc Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; dezembro, 2022; ANÁLISE FREQUENTISTA E BAYESIANA NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DA CANA-DE-AÇÚCAR; Orientador: Prof. Leonardo Siqueira Glória; Conselheiros: Prof. Alexandre Pio Viana e Dra. Elizabeth Fonsêca Processi.

As contínuas pesquisas com clones e cultivares de cana-de-açúcar são fundamentais para a liberação e alocação de genótipos a fim de aumentar os ganhos agrícolas e industriais. Nesse processo, as observações obtidas pela experimentação no melhoramento genético da cultura são transformadas em informações por meio de inferências, frequentista e bayesiana. Nesse sentido, o objetivo desse trabalho foi comparar as duas inferências (frequentista e bayesiana) utilizando observações de experimentos realizados em três municípios do Noroeste do Rio de Janeiro, inferindo sobre os parâmetros genéticos, desvios em relação à média e ranqueamento para cada variável aferida dos genótipos de cana-de-açúcar. Os experimentos foram colhidos em cana-planta e cana soca. Em 7 genótipos, foram analisadas as características: tonelada de cana por hectare, tonelada de Pol por hectare, tonelada de açúcar recuperável por hectare, açúcares redutores totais, brix, fibra, Pol % da cana, Pol % corrigida e açúcares totais recuperáveis. A metodologia bayesiana estimou maiores valores de herdabilidade para todas as características quando comparados aos estimados pela metodologia *REML/BLUP*. A herdabilidade pela inferência frequentista teve elevada influência

da variabilidade dos anos de corte. Os valores genéticos obtidos nas duas inferências foram diferentes, entretanto, existiu significativa associação linear, de modo a não alterar o ranqueamento na predição dos genótipos em todas as características analisadas. A cultivar RB687515 foi o genótipo com maior destaque na predição *BLUP* de valores genéticos, estando mais bem ranqueada para a variável TCH, em conjunto com os genótipos RB098022 e RB058046. Considerando as variáveis de rendimento TAH e TPH, os três genótipos mais bem ranqueados foram RB867515, RB098022 e RB058046. Os clones promissores RB068046 e RB098022, além da RB867515 foram os mais bem ranqueados para a variável TCH, demonstrando potencialidade para a região Norte e Noroeste Fluminense. A inferência bayesiana foi mais robusta para estimação de componentes de variância e indicação de cultivares e seleção clones de cana-de-açúcar plantados em diferentes locais.

Palavras-chave: Bayesiana; REML; Cana-de-açúcar; Bioenergia

## **ABSTRACT**

FERNANDES, Tamys Luiz; MSc Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; December, 2022; FREQUENTIST AND BAYESIAN ANALYSIS IN THE ESTIMATION OF SUGARCANE GENETIC PARAMETERS; Advisor: Prof. Leonardo Siqueira Glória; Committe Membrers: Prof. Alexandre Pio Viana and Dra. Elizabeth Fonsêca Processi.

Sugarcane is grown in all regions of Brazil. It is traditionally used to produce sugar and ethanol, power generation and as a source of feedstock for animal feed. The continuous research with clones and cultivars is fundamental for the release and allocation of genotypes to increase agricultural and industrial gains. In this process, the data obtained by experimentation in the genetic improvement of the crop are transformed into information by means of inferences - frequentist and Bayesian – that can provide different predictions for the interpretation of the genetic values of genotypes in relation to agroindustrial characteristics. In this sense, the objective of this work was to compare the two inferences (frequentist and Bayesian) using observations of experiments conducted in three municipalities in the Northwest of Rio de Janeiro, inferring on the genetic parameters, deviations from the mean and ranking for each variable measured of the sugarcane genotypes. The experiments were harvested in plant cane and ratoon cane. In 7 genotypes, the characteristics were analyzed: sugarcane tons per hectare (TSH), pol tons per hectare (PTH), recoverable sugar tons per hectare (RSH), total reducing sugar (TRS), soluble solid content - brix (BRX), fiber (FIB), Pol % of cane (PC), corrected Pol % (PCC) and

total recoverable sugars (TRS). The Bayesian methodology, using the Gibbs Sampling algorithm in Monte Carlo method via Markov Chain (MCMC), estimated higher heritability values for all traits when compared to those estimated by the Restricted Maximum Likelihood (REML) / Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) methodology. The heritability by frequentist inference was highly influenced by the variability of harvesting of each year. It is recommended that this inference be evaluated by environment and by cutting in similar experiments in the study regions. The BLUPs obtained in the two inferences were different, however, there was a significant linear association, so as not to alter the ranking in the prediction of genotypes in all analyzed characteristics. The sugarcane cultivar RB867515 was the genotype with the highest genetic value predicted (BLUP) for most variables, being better ranked for the variable TSH, with genotypes RB098022 and RB058046. Considering the yield variables RSH and PTH, the three genotypes with the highest predicted genetic values were RB867515, RB098022 and RB969017. The promising clones RB068046 and RB098022, besides RB867515 were the highest ranked for the variable TCH, showing potentiality for the North and Northwestern region of the state of Rio de Janeiro. Bayesian inference was more robust for variance component estimation and indication of cultivars and selection of sugarcane clones planted in different locations.

Keywords: Bayesian; REML; Sugarcane; Bioenergy.

## 1. INTRODUÇÃO

A cultura da cana-de-açúcar faz parte da história política, social e econômica do Brasil. Na safra 2022/2023 foram colhidos 8,13 milhões de hectares para a produção de açúcar, biocombustíveis e energia elétrica. A magnitude da área corresponde, aproximadamente, à soma das áreas do estado do Rio de Janeiro e Espírito Santo (CONAB,2022).

Em todos os estados produtores onde ocorre o cultivo da cultura, há a contribuição de programas de melhoramento genético (RIDESA, CTC, IAC, GRANBIO) para incremento de produtividade pelo ganho genético. O impacto é profundamente relevante, não somente pela sanidade contida nas liberações das novas cultivares, mas, principalmente, pelos ganhos em rendimento por área e maior disponibilidade de genótipos com diferentes ciclos de maturação (precoce, médio e tardio), cada qual acompanhado do manejo varietal, objetivando as melhores respostas às especificidades de cada ambiente.

Para explorar a variabilidade genética entre os genótipos de cana-de-açúcar sob estudo precisam-se das estimativas dos parâmetros genéticos com precisão para melhor condução do melhoramento genético da cultura e definição do método de melhoramento a ser empregado. Para isso, os programas de melhoramento genético de plantas, de modo geral, dispõem de métodos consagrados que exploram objetivamente a verossimilhança, como é o caso da metodologia via modelos mistos *REML/BLUP* – Máxima Verossimilhança Restrita/ Melhor Predição



Linear Não Viesada, ao qual se enquadra em uma abordagem intitulada frequentista (Resende, 2007).

Essa metodologia permite um processo de seleção com maior eficiência seletiva, tendo se tornado padrão na estimação de parâmetros genéticos e predição dos valores genotípicos, podendo ser empregado rotineiramente (Resende et al., 2001b; Viana e Resende, 2014).

A metodologia *BLUP* pressupõe que os componentes de variância sejam conhecidos. Quando isso não ocorre, utiliza-se como estratégia de análise para substituição dos valores paramétricos dos componentes de variância por estimativas de máxima verossimilhança restrita (*REML*), que tendem a ser satisfatória em populações com tamanho suficiente para que apresentem normalidade e homogeneidade de variâncias (Júnior et al., 2010). Porém, no caso de heterogeneidade de variâncias, as estimativas dos componentes de variância e coeficientes de herdabilidade podem apresentar valores genéticos viesados ou próximos de zero, inviabilizando o progresso genético e a seleção (Weigel e Gianola, 1992).

Com o avanço computacional viabilizou-se a utilização da abordagem bayesiana tanto no melhoramento animal, quanto no melhoramento de plantas. A perspectiva baseada na concepção do Teorema de Bayes adota uma postura subjetivista e lida com funções de densidade de probabilidade, de modo que as incertezas estão nela contidas. Em contraste à abordagem frequentista, a bayesiana considera informações *a priori*, além da verossimilhança para a geração de uma nova distribuição, *a posteriori*, sobre a qual são feitas as inferências dos parâmetros.

Vantagens adicionais da inferência bayesiana estão no fato de haver uma tendência de intervalos de credibilidade comparativamente menores aos da inferência frequentista, quando utilizada uma *priori* informativa. Entretanto, quando *a priori* não for informativa, o modelo bayesiano é pelo menos equivalente ao frequentista (Sorensen e Gianolla, 2007).

Nesse contexto, o Amostrador de Gibbs ou *Gibbs Sampling (GS)* é um algoritmo de cadeia de Markov, que geram a distribuição *posteriori* por meio de amostragem, e é amplamente utilizado em inferência bayesiana, e no melhoramento de plantas (Silva et al., 2013; Zeni Neto, et al., 2020; Valadares, et al., 2022).

Trabalhos utilizando a comparação entre a aplicação entre a inferência bayesiana e modelos mistos em espécies vegetais tem sido cada vez mais frequentes. Silva et al. (2013) estudaram modelos mistos na seleção de famílias de cana-de-açúcar aparentadas sob enfoque clássico e bayesiano, concluindo que o procedimento bayesiano foi mais eficiente, quando considerou uma *priori* informativa e informações de parentesco no modelo.

Silva et al. (2020) trabalharam com 17 famílias de irmãos-completos de *Psidium guajava*, concluindo que a metodologia bayesiana sugeriu estimativas mais precisas dos componentes de variância, bem como os melhores resultados para ajuste do modelo em uma validação cruzada, sendo considerada melhor que a abordagem frequentista. Souza et al. (2022) concluíram que ambas as abordagens apresentaram desempenho semelhante, com capacidade preditiva e eficiência seletiva levando à seleção dos mesmos indivíduos no melhoramento do maracujazeiro azedo.

## **2. OBJETIVOS**

### **2.1. OBJETIVO GERAL**

Avaliar a abordagem bayesiana e frequentista na seleção e indicação de cultivares e clones em estudo de cana-de-açúcar no Noroeste Fluminense.

### **2.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

Comparar a abordagem frequentista (*REML/BLUP*) com a bayesiana na estimação dos parâmetros genéticos e desvios em relação às médias para cada variável aferida dos genótipos de cana-de-açúcar em estudo.

Ranquear os genótipos em estudo para cada variável aferida.

Avaliar o potencial dos genótipos em estudo, especialmente dos clones promissores.

### 3. REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1. ASPECTOS GERAIS DA CULTURA

A cana-de-açúcar (*Saccharum officinarum*) foi introduzida pelos portugueses no século XVI como estratégia de defesa, a fim de estimular o povoamento do território e se preparar contra invasões francesas, iniciando o período colonial (Foguel, 2016). A cultura permaneceu importante no Brasil imperial, devido ao modelo de produção, impacto na sociedade e economia. A importância se estendeu à República, sendo reconhecida na segunda década deste século como uma das culturas de maior relevância, tanto em função da área ocupada e constante desenvolvimento tecnológico, quanto à eficiência de produção de produtos diversos para áreas segmentadas da sociedade, tais quais alimentação humana e animal, energia, políticas ambientais e produtos químicos de valor econômico.

A cultura da cana-de-açúcar caracteriza-se mundialmente pela capacidade de produzir matéria-prima de alta qualidade para a produção, sobretudo, de etanol e açúcar e pela participação em processos de alta tecnologia (Santos et al., 2019). A evolução, em grande medida, é resultado da melhor compreensão e desenvolvimento tecnológico dos fatores que elevam a produtividade, com o destaque do melhoramento genético (Hoffman et al., 1999; Barbosa et al., 2012).

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é a principal cultura produtora de açúcar do mundo, sendo cultivada em regiões tropicais e subtropicais (Cordeiro et. al., 2007). O Brasil é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar, com

aproximadamente 35% da cana produzida no mundo, seguido da Índia e China (FAO, 2023). A produção manteve patamares elevados na safra 2022/2023, sendo superior a 570 milhões de toneladas de cana. A cana é cultivada em todas as regiões do território nacional, ocupando a área de 8,39 milhões de hectares na mesma safra, dos quais 96,8% representam a área colhida (CONAB, 2022).

A cana-de-açúcar é uma importante cultura agrícola para o setor energético brasileiro. Os derivados da cana contribuíram com 19,1% da oferta interna de energia em 2020, o que corresponde a 41,70% das fontes renováveis de energia. A magnitude da influência da cana-de-açúcar nas energias renováveis coloca o Brasil em um papel de destaque no mundo (EPE, 2019).

Do ponto de vista ambiental, as metas do Acordo de Paris colocam a cana-de-açúcar na centralidade das espécies agrícolas para a redução das emissões de gases do efeito estufa. Ressaltada pela Política Nacional de Biocombustíveis (RENOVABIO), a cultura é um elemento essencial para o cumprimento das metas anuais de descarbonização e suporte à comercialização de créditos de descarbonização (CBIOS), proporcionando este, o incentivo financeiro para a produção eficiente de energia.

### **3.2. CLASSIFICAÇÃO BOTÂNICA DA CANA-DE-AÇÚCAR**

A cana-de-açúcar é uma gramínea perene, que se reproduz sexualmente, pertencente à família Poaceae, tribo Andropogoneae, subtribo Saccharinae e gênero *Saccharum* (Daniels; Roach, 1987).

As cultivares desenvolvidas e cultivadas mundialmente são híbridos interespecíficos oriundos basicamente do gênero *Saccharum* em seis espécies, das quais duas são selvagens, *S. spontaneum* Linnaeus ( $2n=40-128$ ) e *S. robustum* Brandes e Jew. ex Grassl. ( $2n=60-205$ ) e quatro formas cultivadas, *S. officinarum* Linnaeus ( $2n=80$ ), *S. barberi* Jeswit ( $2n=81-124$ ), *S. sinensis* Roxb. ( $2n=111-120$ ) e *S. edule* Hassk. ( $2n=60-80$ ) (Matsuoka et al., 1999; Moraes et al., 2015), que fazem parte de um complexo de espécies poliploides altamente polimórficas (Cursi, 2016).

Com um genoma complexo, a planta tem suas espécies derivadas de híbridos oriundos de cruzamentos entre espécies do gênero *Saccharum*. A espécie *S officinarum* e *S spontaneum* são aquelas que mais contribuem para o genoma das variedades modernas de cana-de-açúcar (Dilon et al., 2007; Morais et al., 2015).

### **3.3. MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR**

Os Programas de melhoramento da cana-de-açúcar no Brasil visam liberar cultivares destinadas à produção de açúcar, etanol, energia elétrica e alimentação animal para serem cultivadas nos ambientes contrastantes do território nacional. Buscam liberar cultivares geneticamente superiores que reúnam características tais quais: resistência a pragas e doenças (ferrugem marrom, ferrugem alaranjada, carvão, escaldadura, mosaico), elevada produtividade (sacarose e toneladas de colmos por hectare), colmos uniformes, adaptação à colheita mecanizada, teor de fibra entre 12 e 13%, rápida velocidade de crescimento e perfilhamento, ausência de florescimento, hábito de crescimento ereto, despalha fácil ou natural, longevidade, elevada adaptabilidade e estabilidade e tolerância a estresses abióticos (Morais et al., 2015)

O melhoramento tradicional da cana-de-açúcar ocorre em três etapas bem definidas. Inicia-se com a seleção de parentais com base nas características agronômicas de interesse, proximidade genética e herança dos caracteres a ser melhorados. A segunda etapa é a hibridação, realizada por meio de cruzamentos biparentais e/ou por policruzamentos em estações de floração e cruzamento. Por fim, e mais longa etapa, acontece a seleção das progênies superiores em vários estágios de propagação clonal. Nas fases mais avançadas são realizados ensaios de competição entre os clones potenciais e cultivares comerciais padrão para verificar o potencial de ganho genético com a liberação de uma nova cultivar.

Atualmente há 4 grupos relevantes de melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil. A Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do setor Sucroenergético – RIDESA, composta pelos programas de melhoramento (independentes e harmônicos) das UFRRJ, UFV, UFPR, UFSCar, UFG, UFMT, UFRPE, UFAL, UFS e UFPI que é responsável pela liberação de cultivares da sigla RB, presentes em mais de 60% dos canaviais brasileiros.

Sob o âmbito dos programas que compõem a RIDESA, o PMGCA- UFRRJ mantém atuação nos estados do Rio de Janeiro, Espírito Santo, Sul da Bahia e Nordeste de Minas Gerais, que são regiões em grande medida compostas por ambientes de produção restritos, sobretudo pela escassez de chuvas. O PMGCA-UFRRJ trabalha com objetivos diversificados, selecionando e indicando genótipos com finalidade na alimentação de ruminantes, mas, prioritariamente, genótipos para a finalidade industrial.

Outros programas de melhoramento, tais quais Centro de Tecnologia Canavieira (CTC), Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) tem contribuições históricas no setor sucroenergético e, mais atualmente, a GRANBIO tem estimulado a utilização de cultivares tipo cana-energia, idealizadas para apresentar elevada produtividade de biomassa, alto teor de fibra, visando produzir energia renovável, bioquímicos e etanol lignocelulósico.

Parte significativa da viabilidade do cultivo da cultura é suportada pela liberação permanente de cultivares de ciclos precoces, médios e tardios pelos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, que visam atender tanto à diversidade de ambientes, quanto à dinâmica do setor produtivo. De acordo com Landell e Bressiani (2008), as cultivares desenvolvidas a partir de seleções regionais atendem às especificidades das condições edafoclimáticas regionais, promovendo ganhos significativos para nichos específicos de produção.

A cana-de-açúcar ocupa áreas significativas desde o Norte-Nordeste até as regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste. O espectro de ambientes em que uma cultivar está relacionada à interação Genótipos x Ambientes, sendo este um importante e desafiante efeito para melhoristas que atuam nas avaliações, seleções, e recomendações de cultivares, após análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica (Cruz et al., 2004; Borém e Miranda, 2013).

A interação quantifica o comportamento diferenciado dos genótipos diante das variações ambientais, contudo, quando presente, resulta na alteração das variâncias genéticas e ambientais que, por consequência, pode acarretar a obtenção de parâmetros genéticos imprecisos, afetando a seleção de indivíduos considerados superiores (Cruz et al., 2014; Ferreira et al., 2021).

A magnitude da expressão da importância da cana-de-açúcar não se limita à ampliação da área cultivada. Há fatores de ordem genética que contribuem para

manter destaque na cultura sob o prisma das produtividades. Segundo Barbosa (2014), alguns autores avaliaram a contribuição do melhoramento genético da cana-de-açúcar em algumas regiões canavieiras. Hoffman et al. (1999) afirmam que ganho de rendimento em açúcar foi de 1,5% ao ano a partir de 1945 no estado de São Paulo, e, segundo Barbosa et al. (2012) 2% do incremento de kg de ATR por hectare nos períodos de 1970 e 2011 foram creditados ao melhoramento genético.

As extensões dos ganhos são ainda evidenciadas pela liberação de cultivares com diferentes ciclos de maturação, fornecendo genótipos de maturação precoce à tardia. Fato que amplia o período de colheita, mantendo a atividade do campo e industrial por mais meses do ano, o que torna a atividade mais sustentável.

Entretanto, por ser uma cultura semiperene, que passa por diversas colheitas antes da renovação, o processo de melhoramento necessita avaliar experimentos por diversas colheitas e locais, exigindo consumo elevado de recursos e tempo. Segundo Carneiro et al. (2019), o lançamento de cultivares de cana-de-açúcar melhoradas levam aproximadamente de 8 a 12 anos. Durante o processo de seleção e avaliação de genótipos, a estimação precisa dos componentes de variância são estratégicos para a predição de valores genéticos das características em teste.

### **3.3.1. Parâmetros genéticos**

Estimativas de parâmetros genéticos constituem em ferramenta de suma importância para orientar os programas de melhoramento de plantas (Farias Neto e Resende, 2001). O conhecimento da proporção genética na variabilidade total ou dos efeitos aditivos dos genes na variabilidade observada possibilita ao melhorista a predição dos ganhos e seleção de genótipos, sobretudo quando a proporção da variabilidade do ambiente for menos impactante na variabilidade total (Borém, 2013).

O melhoramento de plantas presume o conhecimento da população em estudo, que torna fundamental a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos fundamental, pois permite identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e avaliar a eficiência de diferentes estratégias para a obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada (Cruz et al., 2014).



A herdabilidade ( $h^2$ ) é um parâmetro de grande utilidade para os melhoristas, porque mede a confiabilidade do valor fenotípico (Ramalho et al., 2012). Os coeficientes de herdabilidade estimam o quanto da variação do fenótipo, dos caracteres de interesse tem origem genética e pode ser manipulada pela seleção (Sebbenn et al., 2008). Para Resende (2002), a amplitude das herdabilidades individuais são classificadas como alta ( $h^2 \geq 0,50$ ), média ou moderada ( $0,15 < h^2 < 0,50$ ) e baixa ( $0,01 \leq h^2 \leq 0,15$ ). Mesmo as características de baixa herdabilidade é possível obter ganhos ao utilizar o método de melhoramento mais adequado.

As herdabilidades estimadas para características de produção e industriais são disponíveis com grande amplitude na literatura. Silva et al. (2011), no estudo de divergência genética entre 18 genótipos de cana-de-açúcar, estimaram uma herdabilidade média acima de 60% para TCH, TPH, brix e pol % da cana.

Pedrozo et al. (2009), ao estudar a eficiência de três índices de seleção em três populações de primeira geração clonal estimaram herdabilidades individuais no sentido amplo que variavam de 0,23 a 0,37 para a característica brix.

Moraes et al. (2010) estudaram o desempenho industrial e agrônomo e avaliaram os parâmetros genéticos de progênies de cana-de-açúcar de 24 genótipos no litoral norte de Pernambuco. As características TCH, TPH, fibra, PCC, brix e ATR apresentaram valores de herdabilidade média mais elevados, por maior influência do componente genético em relação ao ambiental.

Dutra Filho et al. (2012) avaliaram o desempenho agroindustrial de famílias de cana-de-açúcar para estimar parâmetros genéticos e ganho por seleção. Concluíram que as características TCH, TPH e tonelada de açúcar recuperável por hectare expressaram alta herdabilidade média.

Lima Neto et al. (2013) avaliaram o desempenho agroindustrial de 14 genótipos em dois cortes e estimaram parâmetros genéticos com elevados valores do coeficiente de determinação genotípico para TCH, TPH e pol % corrigido (PCC).

Silva et al. (2013) compararam o método *BLUP* individual simulado sob o enfoque clássico (*REML/BLUP*) e bayesiano, na análise de estimativas de produtividade, avaliando as variâncias genética e residual, a herdabilidade e os valores genotípicos das famílias, em função dos intervalos de confiança/credibilidade. Os autores concluíram que o enfoque bayesiano foi mais eficiente somente quando se considerava no modelo informações de parentesco e distribuição *a priori* informativa.

Na avaliação do desempenho agroindustrial de 22 genótipos de cana-de-açúcar em 3 ambientes de Pernambuco, Dutra Filho et al. (2015) obtiveram elevadas estimativas de determinações genotípicas das características TCH, TPH tonelada de ATR por hectare.

O estudo de Mehareb e Abazied (2017) sobre os parâmetros genéticos de 4 clones promissores e uma cultivar comercial no Egito identificou alta variância genética em relação à variância ambiental para as características, além de alta herdabilidade (acima de 80%) com destaque para as características brix, teor de sacarose, ATR e TCH.

### **3.4. MÉTODOS DE ESTIMAÇÕES DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA**

#### **3.4.1. REML/BLUP**

O método da Máxima Verossimilhança Restrita (*REML*) foi descrito formalmente por Patterson e Thompson (1971), após publicação de Thompson (1962). O método, proposto para explicar os graus de liberdade perdidos na estimativa dos efeitos fixos, assume uma distribuição normal multivariada e mantém o estimador dentro do espaço de parâmetros permitido (ou seja, zero a mais infinito) (Schaeffer, 2010).

A Melhor Predição Linear Não Viesada (*BLUP*) - *Best linear unbiased prediction*, em inglês - é um método que pode ser utilizado para a obtenção do valor genético. A impossibilidade do conhecimento dos verdadeiros valores dos componentes da variância na predição *BLUP*, destaca o *REML* como um dos principais procedimentos por possibilitar a estimativas desses componentes (Robinson, 1991; Garcia e Nogueira, 2005).

Tanto no melhoramento genético animal, quanto no de plantas - culturas anuais e olerícolas, forrageiras, cana-de-açúcar, espécies florestais, fruteiras, palmáceas- a metodologia via modelos mistos é intensamente utilizada, em razão da confiabilidade e eficiência no estudo das diversas fontes de variação associada à avaliação de experimentos de campo (Resende, 2007; Oliveira et al., 2008; Pedrozo et al., 2009; Farias Neto et al., 2012; Quintal et al., 2017; Alves et al., 2018).

A metodologia gera estimativas não tendenciosas dos parâmetros (Schaeffer, 2010). Na predição de parâmetros genéticos é destaque pela

possibilidade de avaliação de experimentos desbalanceados (Garcia; Nogueira, 2005).

De acordo com Resende (2007), vantagens adicionais são atribuídas à metodologia *REML/BLUP*, pois fornece estimativas de adaptabilidade e estabilidade genotípicas e não fenotípicas por considerar efeitos genotípicos como aleatórios; permite lidar com delineamentos não ortogonais, heterogeneidade de variâncias e erros correlacionados dentro dos locais. Do ponto de vista prático permite comparar indivíduos ou variedades por meio do espaço e tempo, além de simultânea correção dos valores genéticos (Cortes et al., 2019; Neto et al., 2019; Crevelari et al., 2019).

Freitas et al. (2013) compararam quatro índices de seleção e o método *REML/BLUP* em progênies de irmãos completos de milho-pipoca. Concluíram que o método *REML/BLUP* mostrou-se muito eficiente, pois selecionou progênies com desempenhos relativos elevados e ganhos genéticos preditos melhores que outros índices de seleção em estudo.

Carvalho et al. (2022) relataram eficiência da metodologia *REML/BLUP* na estimação dos parâmetros genéticos e predição de ganhos em populações de feijão-fava, com maiores ganhos para altura de plantas, número de vagens por planta, espessura de vagem.

### 3.4.2. Inferência Bayesiana

A abordagem bayesiana está fundamentada na compreensão do Teorema de Bayes, que por essência, é uma proposição acerca das probabilidades condicionadas, sob exigência da aceitação das leis tradicionais do cálculo de probabilidades ou a axiomática de Kolmogorov. (Paulino et al., 2018). O Teorema de Bayes proporciona a adição da informação contida nos dados coletados ao conhecimento *a priori*.

A representação do Teorema de Bayes, quando em análise duas variáveis aleatórias  $Y$  e  $\theta$  é (Cotes et al., 2006):

$$P(\theta, Y) = P(\theta|Y)P(Y) = P(Y|\theta)P(\theta)$$

Na qual,  $P(\theta, Y)$  é a probabilidade conjunta de  $\theta$  e  $Y$ , e  $P(Y)$  e  $P(\theta)$  são as probabilidades marginais de  $Y$  e  $\theta$ , respectivamente. Além disso,  $P(\theta/Y)$  e  $P(Y/\theta)$

são probabilidades condicionais de  $\theta$  dado  $Y$  e  $Y$  dado  $\theta$ , respectivamente. Logo, conclui-se:

$$P(\theta|Y) = \frac{P(Y|\theta)P(\theta)}{P(Y)}$$

Desse modo:  $P(\theta|Y)$  é a *posteriori*,  $P(Y|\theta)$ , a verossimilhança;  $P(\theta)$ , a *priori*. Se  $Y$  e  $\theta$  forem variáveis aleatórias contínuas, este resultado pode ser expresso em termos de suas funções de densidade de probabilidade (f.d.p) (Cotes et al., 2006):

$$f(\theta|Y) = \frac{f(Y|\theta)f(\theta)}{f(Y)}$$

Uma vez que o denominador é somente uma constante normalizadora (Paulino et al., 2018), o teorema de Bayes é regularmente representado pela expressão:

$$P(\theta|Y) \propto P(Y|\theta)P(\theta)$$

A análise bayesiana é realizada diretamente na distribuição *a posteriori*. Há proporcionalidade entre a distribuição *a posteriori*, a verossimilhança x *priori*, de tal sorte que a função de verossimilhança conecta a *priori* à *posteriori*, por meio dos dados do experimento (observações). A distribuição *a posteriori* contempla o grau de conhecimento prévio sobre o parâmetro, além das informações adicionais propiciadas pelo experimento (Resende, 2000; Ehlers, 2003).

$$\textbf{Posteriori} = \textbf{Verossimilhança} \times \textbf{Priori}$$

A geração de amostras *a posteriori* é processo fundamental para a atualização da função da informação inicial (*priori*). Nesse sentido, ressalta-se a importância da metodologia de integração de Monte Carlo via cadeias de Markov (MCMC), que é flexível e consolidada, sendo importante, dentre muitas, para a difusão da inferência bayesiana. Essa metodologia gera uma cadeia de iterações sucessivas para problemas complexos com o objetivo de obter amostra da distribuição *a posteriori* e calcular a probabilidade dos valores amostrais na distribuição. É considerada uma das mais importantes classes de algoritmos para computar estimativas marginais a partir de modelos bayesianos (Firmino, 2009). Após a geração de uma grande quantidade de valores aleatórios (tendendo ao infinito) aceita-se conhecer as distribuições marginais.

Existem diversos algoritmos que geram uma cadeia de Markov de forma que sua distribuição estacionária coincida com a densidade posterior do alvo (Martino, 2018), como exemplos o *Gibbs Sampling* (Amostrador de Gibbs) e o Metropolis-Hastings.

Uma característica positiva da inferência bayesiana está na análise de parâmetros de modelos complexos, em que o tratamento analítico é impraticável. Anualmente são produzidas publicações em segmentos de economia, ciências médicas, ciências naturais, ciências agrárias e tem sido cada vez mais frequente o uso da abordagem em programas de melhoramento genético vegetal (Resende et al., 2001a; Edwards & Jannink, 2006; Nascimento et al., 2013) e animal, à medida que modelos mais complexos têm sido utilizados (Yokoo et al., 2013).

A concepção dos parâmetros é uma das características que diferencia a metodologia bayesiana da metodologia clássica, já que os parâmetros são compreendidos como variáveis aleatórias de comportamento, regulados por função de probabilidade (Costa et al., 2009). Enquanto na inferência frequentista os parâmetros são estimados por meio da função de verossimilhança, a inferência Bayesiana os estima, utilizando a função de distribuição de probabilidade *a posteriori* dos parâmetros (Xavier, 2019).

É inerente à inferência bayesiana o cálculo de uma função de densidade de probabilidade para todas as possibilidades vetoriais dos parâmetros (espaço dos parâmetros) (Yokoo et al., 2013).

A utilização da inferência bayesiana foi intensificada na década de 90 no melhoramento animal e vegetal, a partir do desenvolvimento de novas ferramentas computacionais de análise. A abordagem bayesiana é utilizada por programas de melhoramento genético para análises em diferentes finalidades, como na seleção de genótipos, clones e progênies, análises de adaptabilidade e estabilidade, ensaios multiambientais, genômica, mapas genéticos (Cotes et al., 2006; Nascimento et al., 2011; Daetwyler et al., 2013; Teodoro et al., 2015; Barili et al., 2018; Euzebio et al., 2018; Freiria et al., 2020; Silva et al., 2020; Valadares et al., 2022).

No contexto do melhoramento de plantas, o levantamento realizado por Resende (2000) apresenta algumas características da inferência bayesiana face à inferência clássica: fornece de modo geral resultados mais precisos, incluindo os intervalos de credibilidade para a estimativa de parâmetros, valores e ganhos

genéticos, quando comparados aos da abordagem frequentista; soluções mais precisas na determinação de parâmetros genéticos em amostras pequenas; mais eficiente em análises de dados finitos e desbalanceados, uma vez que mesmo para pequena quantidade de dados, há uma distribuição *a posteriori* exata; consegue resolver o problema dos valores genéticos, mesmo com distribuições desconhecidas e em situações em que as propriedades da distribuição normal não sejam aplicáveis.

#### **3.4.2.1. Gibbs Sampling**

Dentre os algoritmos de Monte Carlo de cadeia Markov (MCMC), o amostrador de Gibbs é um esquema iterativo de amostragem, especificamente adaptado para as distribuições alvo multidimensionais, que atua nas distribuições condicionais univariadas, a fim de construir uma cadeia de Markov em que a distribuição estacionária se iguale à distribuição alvo (Van Ravenzwaaij et al., 2018).

O amostrador de Gibbs é uma técnica para gerar variáveis aleatórias de uma distribuição (marginal) indiretamente, sem ter que calcular a densidade. O processo de amostragem dessas variáveis para um determinado parâmetro  $\theta$  em um conjunto de dados  $y$ , proporciona a distribuição posterior dos parâmetros  $P(\theta|y)$  (Casella & George, 1992; Magnabosco et al., 2001). Embora difícil de descrevê-lo, por meio do uso de técnicas do amostrador é possível evitar cálculos difíceis, substituindo-os por uma sequência de cálculos mais fáceis (Casella & George, 1992).

A utilização de Amostradores de Gibbs (GS), via simulação estocástica para a estimação dos componentes da variância, confere vantagens em relação ao método *REML* por descrever de modo mais completo sobre a confiabilidade de parâmetros genéticos (Resende, 2000). Sendo assim, o método GS é de modo geral mais preciso na estimação de parâmetros, valores e ganhos genéticos (Resende, 1997).

A utilização do Amostrador de Gibbs está presente em muitos trabalhos dentro do melhoramento genético animal e vegetal (Hofer, 1998; Messina, et al., 2018, Silva et al., 2020). Silva et al. (2013), ao avaliarem modelos mistos na seleção de famílias de cana-de-açúcar sob enfoque clássico e bayesiano, utilizaram o

Amostrador de Gibbs para as distribuições marginais. Falcão et al. (2004) concluíram que as estimativas bayesianas da variância genética e herdabilidade via amostrador de Gibbs apresenta vantagem em relação ao método *REML*, pois propicia estimações mais verossímeis da estrutura de dados, significando estimativas pontuais e intervalos dos parâmetros, sem realizar aproximações. Silva et al. (2018) utilizaram este método MCMC na simulação estocástica, no melhoramento da goiabeira, obtendo menores desvios em relação à média fenotípica, quando em comparação ao *REML/BLUP*, especialmente ao utilizar a *priori* informativa.

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1. MATERIAL VEGETAL

Os sete genótipos avaliados pertencem a diferentes Programas de Melhoramento Genético da cana-de-açúcar – PMGCA da RIDESA (Tabela 1). São contrastantes entre si em termos de exigências ambientais, dos quais, duas variedades são amplamente utilizadas no Brasil canavieiro. São elas: RB966928 e RB867515. A cultivar RB855536 é uma das cultivares mais indicadas para a alimentação animal. A cultivar RB969017 e os clones promissores RB006995, RB058046, RB098022, foram previamente selecionadas devido a características potenciais que as colocam em possibilidade de indicação. Estes estão na fase de avaliação e não estão disponíveis no mercado para comercialização.

**Tabela 1:** Sete Genótipos de cana-de-açúcar, utilizados nos experimentos em Bom Jesus de Itabapoana, Santo Antônio de Pádua e Miracema, acompanhado pelos Programas de Melhoramento de origem.

| Genótipo                   | Genitores            | Programa de Melhoramento |
|----------------------------|----------------------|--------------------------|
| RB966928 - Cultivar        | RB855156 x RB815690  | PMGCA – UFPR - RIDESA    |
| RB867515 - Cultivar        | RB754 x ?            | PMGCA – UFV - RIDESA     |
| RB855536 - Cultivar        | SP70-1143 x RB72454  | PMGCA – UFSCar - RIDESA  |
| RB969017 - Cultivar        | F36-819 x ?          | PMGCA – UFRRJ - RIDESA   |
| RB006995 - Clone promissor | SP80-1816 x RB855536 | PMGCA – UFPR - RIDESA    |
| RB058046 - Clone promissor | SP89-1115 x ?        | PMGCA – UFRRJ - RIDESA   |
| RB098022 - Clone promissor | RB997984 x SP77-5181 | PMGCA – UFRRJ - RIDESA   |



As observações foram geradas nos municípios de Bom Jesus de Itabapoana, Miracema e Santo Antônio de Pádua, localizados na mesorregião Noroeste do estado do Rio de Janeiro (Tabela 2).

**Tabela 2:** Locais de experimentação, municípios do Noroeste Fluminense, altitudes e coordenadas geográficas.

| <b>Locais de experimentação</b> | <b>Municípios</b>       | <b>Altitude (m)</b> | <b>Latitude (sul)</b> | <b>Longitude (oeste)</b> |
|---------------------------------|-------------------------|---------------------|-----------------------|--------------------------|
| IFF Bom Jesus                   | Bom Jesus do Itabapoana | 101                 | 21°08'21.2"           | 41°39'29.8"              |
| Área de produção                | Miracema                | 138                 | 21°26'45.0"           | 42°07'05.2"              |
| Área de produção                | Santo Antônio de Pádua  | 135                 | 21°27'52.5"           | 42°05'03.3"              |

A amostragem do solo dos locais de experimentação foi realizada com a retirada de amostras representativas nas profundidades 0-20 e 20-40 cm, com o auxílio de um trado holandês. Posteriormente, as amostras médias foram encaminhadas, processadas e analisadas no Centro de Análises da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, em Campos dos Goytacazes. A caracterização química e de textura dos solos em diferentes profundidades encontram-se na Tabela 3, Tabela 4 e Tabela 5.

**Tabela 3:** Resultados da análise química e física (textura) do solo, na área experimental em Miracema, Rio de Janeiro.

| Prof<br>cm | pH<br>H <sub>2</sub> O | C<br>% | P<br>mg dm <sup>-3</sup> | K<br>mg dm <sup>-3</sup> | Ca<br>-----cmolc dm <sup>-3</sup> ----- | Mg  | Al  | H+Al | SB  | T   | V<br>--%-- | m   | Fe  | Cu  | Zn  | Mn   | B    | S   | Areia | Silte | Argila | Classe textural |
|------------|------------------------|--------|--------------------------|--------------------------|-----------------------------------------|-----|-----|------|-----|-----|------------|-----|-----|-----|-----|------|------|-----|-------|-------|--------|-----------------|
| 0-20       | 5,5                    | 0,99   | 9                        | 45                       | 0,7                                     | 0,3 | 0,2 | 3,4  | 1,2 | 4,6 | 26         | 14  | 334 | 1,3 | 2,9 | 25,8 | 0,24 | 8,6 | 758   | 126   | 116    | Arenosa         |
| 20-40      | 5,7                    | 0,67   | 7                        | 36                       | 2,6                                     | 0,5 | 0,3 | 0,3  | 4,3 | 4,6 | 94         | 6,5 | 126 | 1,2 | 1,2 | 16,8 | 0,27 | 5,3 | 732   | 134   | 134    | Arenosa         |

**Tabela 4:** Resultados da análise química e física (textura) do solo, na área experimental em Santo Antônio de Pádua, Rio de Janeiro.

| Prof<br>cm | pH<br>H <sub>2</sub> O | C<br>% | P<br>mg dm <sup>-3</sup> | K<br>mg dm <sup>-3</sup> | Ca<br>-----cmolc dm <sup>-3</sup> ----- | Mg  | Al  | H+Al | SB  | T   | V<br>--%-- | m   | Fe   | Cu  | Zn  | Mn   | B    | S   | Areia | Silte | Argila | Classe Textural |
|------------|------------------------|--------|--------------------------|--------------------------|-----------------------------------------|-----|-----|------|-----|-----|------------|-----|------|-----|-----|------|------|-----|-------|-------|--------|-----------------|
| 0-20       | 5,8                    | 1,75   | 10                       | 141                      | 1,7                                     | 0,9 | 0,0 | 2,9  | 3,1 | 6,0 | 51,3       | 0,0 | 60,0 | 2,9 | 5,0 | 64,0 | 0,23 | 9,2 | 600   | 194   | 206    | Média           |
| 20-40      | 5,6                    | 1,11   | 4                        | 50                       | 1,4                                     | 0,7 | 0,0 | 2,9  | 2,3 | 5,2 | 44,2       | 0,0 | 42,4 | 2,8 | 2,5 | 51,6 | 0,17 | 8,5 | 564   | 199   | 237    | Média           |

**Tabela 5:** Resultados da análise química e física (textura) do solo, na área experimental em Bom Jesus do Itabapoana, Rio de Janeiro.

| Prof<br>cm | pH<br>H <sub>2</sub> O | C<br>% | P<br>mg dm <sup>-3</sup> | K<br>mg dm <sup>-3</sup> | Ca<br>-----cmolc dm <sup>-3</sup> ----- | Mg  | Al  | H+Al | SB  | T   | V<br>--%-- | m   | Fe   | Cu  | Zn    | Mn   | B | S | Areia | Silte | Argila | Classe Textural |
|------------|------------------------|--------|--------------------------|--------------------------|-----------------------------------------|-----|-----|------|-----|-----|------------|-----|------|-----|-------|------|---|---|-------|-------|--------|-----------------|
| 0-20       | 6,0                    | 1,75   | 9                        | 141                      | 1,7                                     | 0,8 | 0,0 | 2,5  | 2,6 | 5,1 | 51,1       | 0,0 | 78,0 | 0,4 | 405,9 | 22,8 | - | - | 693   | 174   | 133    | Arenosa         |
| 20-40      | 5,5                    | 1,11   | 7                        | 50                       | 1,2                                     | 0,6 | 0,0 | 2,8  | 1,9 | 4,7 | 44,2       | 0,0 | 40,9 | 0,2 | 195,3 | 14,4 | - | - | 664   | 181   | 155    | Arenosa         |

#### **4.2. DELINEAMENTO EXPERIMENTAL**

Os ensaios foram conduzidos em delineamento em blocos casualizados (DBC) com quatro repetições em todos os locais. Os plantios foram realizados em sulcos com a densidade de 18 gemas por metro linear. No município de Bom Jesus de Itabapoana o experimento foi instalado em setembro de 2018. Cada unidade experimental foi composta por quatro fileiras de 4 metros com espaçamento de 1,2 m, resultando em 19,2 m<sup>2</sup>. A estimativa da produtividade de colmos por hectare (TCH) foi obtida por meio da colheita das duas linhas centrais no primeiro ano (outubro de 2019) e colheita nos dois metros centrais de cada fileira central no segundo ano (setembro de 2020). Em Miracema e Santo Antônio de Pádua, cada parcela foi formada por quatro linhas de 5 metros e espaçamento de 1,2 m. A colheita, aos 15 meses da cana-planta (julho de 2019), foi realizada na fileira 3. A colheita da cana-soca foi realizada 12 meses após o primeiro corte em 2 metros centrais da fileira 3.

Em todas as áreas de experimentação foram realizadas análises de solo no laboratório Centro de Análises da UFRRJ - Campos dos Goytacazes. A adubação foi feita, utilizando como referência, o manual de adubação e calagem do Estado do Rio de Janeiro. Na calagem foram aplicadas 2 ton. ha<sup>-1</sup> de calcário calcítico. Foram realizadas duas adubações: no plantio e em cobertura nos experimentos de Miracema e Santo Antônio de Pádua. No plantio foram aplicados 500 kg. ha<sup>-1</sup> de 08-28-16, ou seja, 40 kg de N. ha<sup>-1</sup>, 140 g de P. ha<sup>-1</sup> e 80 g de K. ha<sup>-1</sup>. Na cobertura, 30 dias após a germinação, foram aplicados 300 kg.ha<sup>-1</sup> de 20-0-20, o equivalente a 20 kg de N.ha<sup>-1</sup> e 20 kg de k ha<sup>-1</sup>. Em Bom Jesus do Itabapoana foram aplicados no plantio 400 kg de 08-28-16; 32 kg de N. ha<sup>-1</sup>, 112 kg P.ha<sup>-1</sup>, 64 kg K.ha<sup>-1</sup>.

Ao longo da condução experimental, foram realizadas capinas manuais até o sombreamento das entrelinhas.

#### **4.3. VARIÁVEIS MENSURADAS**

Foram realizadas duas colheitas para cada local, avaliando cana planta e primeira soca. As características do estudo comparativo entre as inferências frequentista e bayesiana foram: toneladas de colmos por hectare (TCH), toneladas

de Pol por hectare (TPH), tonelada de açúcar recuperável por hectare (TAH), açúcares redutores totais (ART), teor de sólido solúvel - brix (BRX), fibra (FIB), Pol % da cana (PC), Pol % corrigida (PCC) e açúcares totais recuperáveis (ATR).

O rendimento em toneladas de cana por hectare (TCH) foi obtido ao extrapolar a pesagem na parcela para um hectare. Para análise dos atributos tecnológicos, foram coletados aleatoriamente 10 colmos e enviados para análise no laboratório de pré-análises da usina COAGRO, em Campos dos Goytacazes.

O teor de sólidos solúveis - °brix (BRX) foi obtido com auxílio de refratômetro digital de laboratório. O conteúdo de fibra (%), teor de sacarose aparente do caldo (Pol), teor de sacarose aparente da cana (PCC), açúcares redutores totais (ART) em kg/ton, açúcares totais recuperáveis (ATR) em kg/ton foram obtidos conforme descrito em COPERSUCAR (2001). As toneladas de Pol por hectare (TPH) e toneladas de açúcar por hectare (TAH) foram estimadas, respectivamente, pelas equações:

$$TPH = \frac{TCH \cdot PCC}{100}$$

$$TAH = \frac{TCH \cdot ATR}{1000}$$

#### 4.4. ANÁLISE ESTATÍSTICA

O modelo estatístico utilizado foi:

$$Y_{ijkl} = Q\mu + Wg_i + Nb: a_{jk} + Mz_l + \varepsilon_{ijkl}$$

Em que:

Y representa o vetor de observações;  $\mu$  é o intercepto ou média geral; g é o efeito aleatório do i-ésimo genótipo, associado ao vetor Y pela matriz W, normalmente e independentemente distribuído (NID)  $(0, \sigma_g^2)$ ; **b: a** são os efeitos aleatórios do j-ésimo bloco dentro do k-ésimo ambiente, associados ao vetor Y pela matriz de incidência N, normalmente e independentemente distribuído (NID)  $(0, \sigma_{b:a}^2)$ ; z é efeito aleatório do l-ésimo ano de colheita, normalmente e

independentemente distribuído (NID)  $(\mathbf{0}, \sigma_z^2)$ ;  $\varepsilon$  é o termo que agrupa os resíduos não capturados pelo modelo normalmente e independentemente distribuído (NID)  $(\mathbf{0}, \sigma_\varepsilon^2)$ .

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram calculados mediante o método de Máxima Verossimilhança Restrita, com uso do estimador *Restricted maximum likelihood (REML)*, descrito por Patterson and Thompson (1971), e Inferência Bayesiana, utilizando Amostrador de GIBBS (Wang et al., 1994), usando os programas blupf90+ e gibbsf90+, respectivamente (Misztal, 2012). O exemplo da carta de parâmetros encontra-se no Apêndice. Para o método bayesiano foram utilizadas cadeias com 1 milhão de iterações (*rounds*), sendo descartadas as primeiras 100.000,00 iterações (*burnin*), e as amostras foram salvas com intervalos de 100 (*thin*).

A herdabilidade no sentido amplo foi calculada pela seguinte expressão:

$$h_g^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_{b:am}^2 + \hat{\sigma}_{res}^2}$$

Em que:

$\hat{\sigma}_a^2$ : Componente de variância anos de corte;  $\hat{\sigma}_{b:am}^2$ : Componente da interação bloco x ambiente;  $\hat{\sigma}_g^2$ : Componente da variância genotípica;  $\hat{\sigma}_{res}^2$ : Componente de variância residual;  $h_g^2$ : Herdabilidade no sentido amplo.

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises consideraram informações de características de dois cortes (ciclo de cana planta e cana soca) em três experimentos localizados em diferentes municípios do Noroeste Fluminense. Todas as análises foram realizadas em um computador, com processador (Intel 9750H, 4.2 Ghz, 16 Gb RAM) e Sistema Operacional Linux 64 bits. A análise clássica foi executada em aproximadamente 60 segundos. A análise bayesiana necessitou de 3 minutos.

Souza (2020) recomenda aos pesquisadores adotarem a análise bayesiana ou frequentista levando-se em consideração às especificidades dos objetivos e necessidades, principalmente sobre o tempo de análise, tamanho da amostra e interesse na distribuição dos parâmetros. As vantagens na utilização da família de programas BLUPF90 está na simplicidade, flexibilidade e agilidade, estando esta última característica relacionada à linguagem de programação adotada, FORTRAN 90 (Misztal, 1999).

Os resultados dos parâmetros genéticos estimados por meio de modelo misto com enfoque clássico e bayesiano (Tabela 6) demonstraram dissemelhança entre si para as características TCH, BRX, FIB, PC, PCC, ART, ATR, TAH e TPH, embora tenha sido feito o uso da distribuição a priori não-informativa, com maior contribuição das estimativas provenientes da função de verossimilhança. A mostra em análise pode não ter sido suficientemente grande para que ocorresse estimativas com resultados semelhantes (Resende, 2002).

Os componentes de variância genética  $\hat{\sigma}_g^2$  das cultivares e clones promissores foram superiores na inferência bayesiana para todas as variáveis, com destaque para o TCH, TPH, ART e ATR. Quando isso ocorre para as variáveis TCH, TPH são elevados, evidenciam a presença de variabilidade genética (Lima Neto et al., 2013), sendo possível estimar herdabilidades de média a alta.

Contudo, os componentes de variância residual  $\hat{\sigma}_{res}^2$  estimados foram maiores na inferência frequentista. As variáveis TCH (1276,60), ART (194,21), TPH (28,85) e ATR (124,53) foram maiores em relação aos estimados na inferência bayesiana, influenciando diretamente nas diferenças das herdabilidades calculadas em ambas as inferências.

**Tabela 6:** Parâmetros genéticos estimados em dois cortes (ciclos de colheita de cana planta e cana soca) das características avaliadas pela abordagem frequentista e bayesiana; experimentos conduzidos nas condições edafoclimáticas do Noroeste do Rio de Janeiro, nos municípios Santo Antônio de Pádua, Miracema e Bom Jesus do Itabapoana.

| Efeito | Inferência   | $\hat{\sigma}_a^2$ | $\hat{\sigma}_{b:am}^2$ | $\hat{\sigma}_g^2$ | $\hat{\sigma}_{res}^2$ | $h_g^2$ |
|--------|--------------|--------------------|-------------------------|--------------------|------------------------|---------|
| TCH    | Frequentista | 433,38             | 0,52                    | 2,39               | 1276,60                | 0,00    |
|        | Bayesiana    | 50,35              | 135,27                  | 1305,50            | 0,89                   | 0,87    |
| BRX    | Frequentista | 0,08               | 0,77                    | 0,08               | 3,77                   | 0,02    |
|        | Bayesiana    | 1,35               | 0,57                    | 3,87               | 0,62                   | 0,60    |
| FIB    | Frequentista | 0,80               | 1,57                    | 0,89               | 3,94                   | 0,12    |
|        | Bayesiana    | 2,60               | 2,99                    | 4,05               | 0,45                   | 0,40    |
| PC     | Frequentista | 0,00               | 1,17                    | 0,07               | 3,39                   | 0,01    |
|        | Bayesiana    | 1,95               | 0,50                    | 3,49               | 0,56                   | 0,54    |
| PCC    | Frequentista | 0,00               | 0,49                    | 0,12               | 2,22                   | 0,04    |
|        | Bayesiana    | 0,85               | 0,51                    | 2,29               | 0,56                   | 0,54    |
| ART    | Frequentista | 3,25               | 25,88                   | 7,28               | 194,91                 | 0,03    |
|        | Bayesiana    | 47,99              | 37,34                   | 200,03             | 0,73                   | 0,70    |
| ATR    | Frequentista | 9,76               | 20,04                   | 8,49               | 124,53                 | 0,05    |
|        | Bayesiana    | 36,11              | 34,47                   | 127,97             | 0,68                   | 0,64    |
| TPH    | Frequentista | 9,03               | 0,00                    | 0,00               | 28,85                  | 0,00    |
|        | Bayesiana    | 0,84               | 2,84                    | 29,72              | 0,88                   | 0,87    |
| TAH    | Frequentista | 9,28               | 0,00                    | 0,00               | 26,89                  | 0,00    |
|        | Bayesiana    | 0,78               | 2,43                    | 27,77              | 0,88                   | 0,87    |

$\hat{\sigma}_a^2$ : Componente de variância anos de corte;  $\hat{\sigma}_{b:am}^2$ : Componente da interação bloco x ambiente;  $\hat{\sigma}_g^2$ : Componente de variância genotípica;  $\hat{\sigma}_{res}^2$ : Componente de variância residual;  $h_g^2$ : herdabilidade no sentido amplo.  $\hat{\sigma}_a^2$ : Componente de variância anos de corte;  $\hat{\sigma}_{b:am}^2$ : Componente da interação bloco x ambiente.

A interação quantifica o comportamento diferenciado dos genótipos diante das variações ambientais, contudo, quando presente, resulta na alteração das variâncias genéticas e ambientais que, por consequência, pode acarretar a obtenção de parâmetros genéticos imprecisos, afetando a seleção de indivíduos considerados superiores (Cruz et al., 2014; Ferreira et al., 2021).

De acordo com Borém (2013), as estimativas de herdabilidade são feitas em amostras da população, desse modo, o tamanho e a representatividade afetam os valores estimados. Todas as herdabilidades estimadas pela inferência bayesiana foram superiores em comparação à inferência frequentista, sobretudo pela influência da magnitude dos componentes de variância residual. A inferência bayesiana foi mais eficiente na utilização do modelo genético-estatístico, estimando maiores valores para os componentes de variância genética em relação aos componentes de variância residual.

A produtividade de colmos por hectare e a alta concentração de açúcar nos colmos são duas das principais características no cultivo da cana-de-açúcar. Os componentes de variância genética  $\sigma_g^2$  estimados pela inferência bayesiana (Tabela 6) foram maiores do que os valores da interação bloco x ambiente para TPH, ART, TAH e TCH, indicando que o método foi robusto na estimação dos componentes de variância desses caracteres e a herdabilidade foi significativamente diferente de 0. A variabilidade encontrada para essas características evidencia que há genótipos com baixa produtividade relativa para essas características, quando considerado os três ambientes.

O resultado da herdabilidade obtida na característica TCH (0,87) mais se aproximou daqueles estimadas por Silva et al. (2011), Lima Neto et al. (2013) e Mehareb e Abazied (2017), em que foram obtidos pela metodologia *REML/BLUP*, as estimativas 0,87, 0,90 e 0,88, respectivamente. A herdabilidade estimada na inferência frequentista e bayesiana para produtividade de pol por hectare (TPH) foram nulas e 0,87, respectivamente. O resultado bayesiano corrobora com a herdabilidade de 0,88, alcançada por de Lima Neto et al. (2013) e 0,94, obtida Mehareb e Abazieb (2017).

As características em que as estimativas dos componentes de variância genética são baixas, em relação aos demais parâmetros, e a herdabilidade por consequência próxima ou com valor 0, podem ser resultado da quebra de pressupostos da inferência frequentista, como a heterogeneidade de variâncias. As



estimativas dos componentes de variância coeficientes de herdabilidade podem apresentar valores genéticos viesados ou próximos de zero, inviabilizando o progresso genético e a seleção (Weigel e Gianola, 1992).

Existe uma tendência natural no cultivo da cana de açúcar para que, ao longo dos cortes, as produtividades e distribuição estatísticas de diferentes características sejam modificadas. Para a característica ART, que pode ser um parâmetro interessante quando se trata de alimentação animal, a inferência bayesiana permitiu detectar de forma mais eficiente as variâncias relativas aos cortes  $\hat{\sigma}_a^2$  e aos genótipos  $\hat{\sigma}_g^2$ , refletindo diretamente nas estimativas das herdabilidades.

A herdabilidade estimada para a característica PCC na inferência bayesiana (0,54) é próxima à estimada por Lima Neto et al. (2013) e Xavier et al. (2014) respectivamente 0,52 e 0,44. Os estudos desses autores foram realizados sobre parâmetros genéticos da cana-de-açúcar em famílias e clones. A herdabilidade frequentista 0,04 foi de magnitude semelhante à encontrada por Dutra Filho et al. (2015).

Para a característica ATR houve grande diferença entre as estimativas da herdabilidade:  $h^2 = 0,05$ , na inferência frequentista e  $h^2 = 0,64$ , na inferência bayesiana. Valores de herdabilidade obtidos por Moraes et al. (2010), Lima Neto et al. (2013), Xavier et al. (2014) e Dutra Filho et al. (2015) estão contidos na amplitude de 0,42 a 0,79, próximos ao encontrado pela inferência bayesiana.

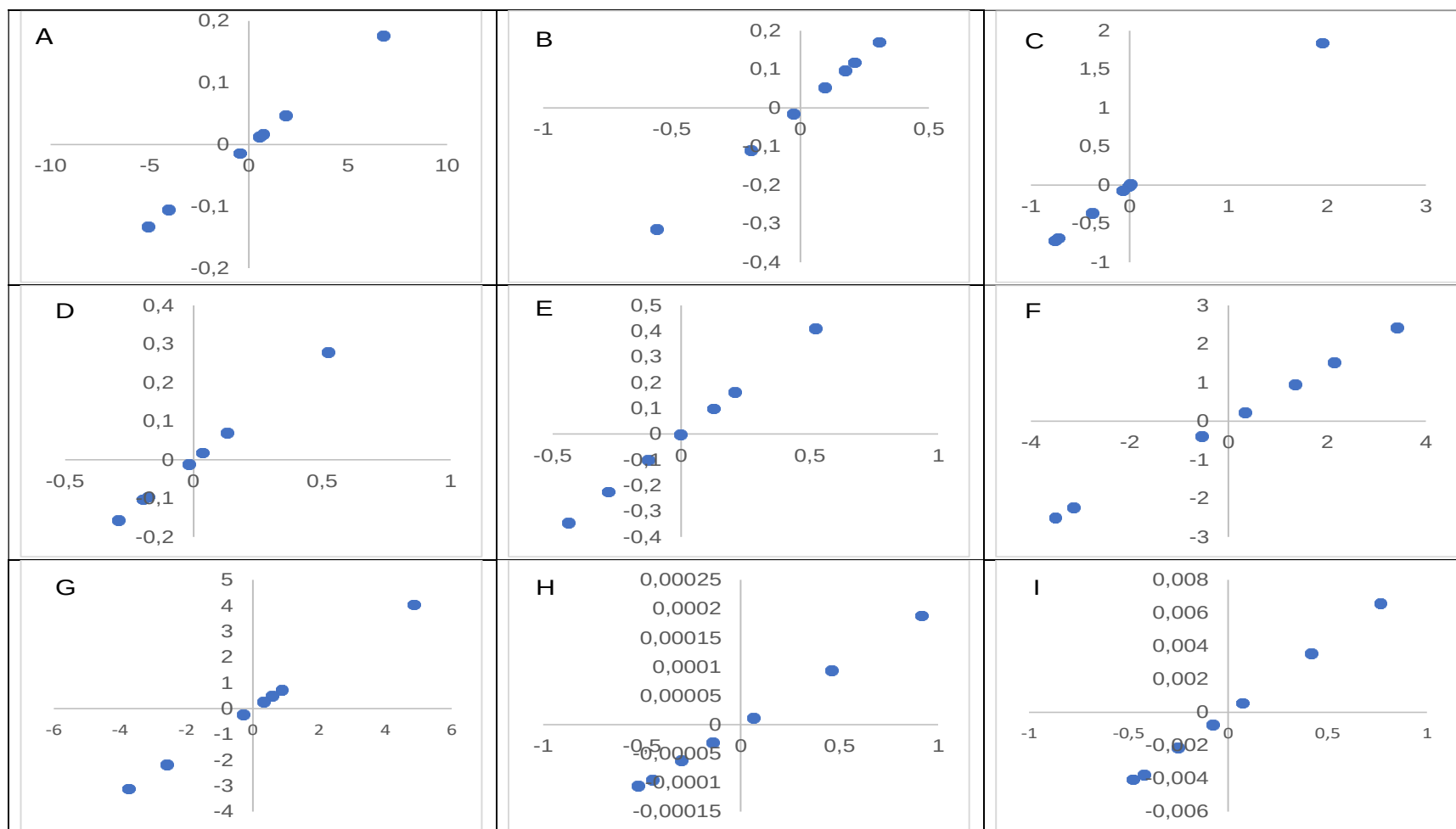
As herdabilidades da característica BRX foram classificadas diferentemente, sendo considerada baixa na inferência frequentista (0,02), corroborando com resultados de Lima Neto et al. (2013) e Dutra Filho et al. (2015). O baixo valor do coeficiente de variação genético, somado à baixa estimativa da herdabilidade indicam, que os genótipos da população em estudo apresentaram pouca diferença para esta característica por essa abordagem, sobretudo quando se trata de genótipos elites e clones promissores, em avaliação na fase final do melhoramento da cana-de-açúcar. Entretanto, devido à influência da magnitude do coeficiente de variação genética, na inferência bayesiana, a herdabilidade (0,60) foi classificada como alta. Este valor está coerente com os encontrados por Shanthi et al. (2005) e Balsalobre et al. (2013).

Constatou-se que a característica fibra teve elevada influência do ambiente em ambas as inferências, que pode ter relação com o tombamento precoce dos

experimentos de Bom Jesus do Itabapoana e Santo Antônio de Pádua, causado pela forte influência de correntes de vento. Contudo a inferência bayesiana estimou maiores valores do componente de variância genotípica, influenciando na herdabilidade 0,40, contra 0,12 da inferência frequentista. O resultado bayesiano obtido se aproxima da herdabilidade média (0,48) obtida por Silva et al. (2011).

Os valores referentes aos *BLUP* são encontrados nos arquivos de saída do software, denominados “solutions” e “final\_solutions”, para as inferências frequentista e bayesiana, respectivamente.

Os *BLUP* estimados (Figura 1 e Tabela 7) com os usos das diferentes metodologias apresentaram valores diferentes para cada genótipo, entretanto demonstraram existir concordância na indicação/seleção de genótipos, considerando as três regiões em estudo. Ocorreu significativa associação linear entre as predições genotípicas para a inferência bayesiana e frequentista. Isso significa, que houve o mesmo ranqueamento nas diferentes predições genotípicas para as características TCH, BRX, fibra, PC, PCC ART, ATR, TPH e TAH, ou seja, o genótipo com maior predição para TCH, por exemplo, é o mesmo nas duas abordagens.



**Figura 1:** *BLUP* estimados com uso das metodologias frequentista (eixo y) e bayesiana (eixo x) para as características toneladas de colmos por hectare (A), Brix (B), Fibra (C), Pol % da cana (D), Pol % da cana corrigido (E), açúcares redutores totais (F), açúcares totais recuperáveis (G), toneladas de Pol por hectare (H) e toneladas de açúcares recuperáveis por hectare (I).

**Tabela 7:** Valores genotípicos ( $\mu + g$ ) de 7 genótipos de cana-de-açúcar para os caracteres TCH, BRX, FIB, PC, PCC, ART, ATR, TPH e TAH, em análise conjunta em 3 ambientes.

| Genótipos | Valores genéticos bayesianos |       |        | Valores genéticos frequentistas |       |        |
|-----------|------------------------------|-------|--------|---------------------------------|-------|--------|
|           | TCH                          | BRX   | FIB    | TCH                             | BRX   | FIB    |
| RB006995  | 198,24                       | 25,53 | 15,47  | 89,64                           | 21,44 | 13,24  |
| RB058046  | 205,14                       | 25,49 | 13,14  | 89,82                           | 21,42 | 11,04  |
| RB098022  | 210,11                       | 25,29 | 12,80  | 89,95                           | 21,31 | 10,72  |
| RB855536  | 199,26                       | 25,41 | 13,51  | 89,67                           | 21,37 | 11,39  |
| RB867515  | 204,03                       | 25,62 | 13,53  | 89,79                           | 21,49 | 11,41  |
| RB966928  | 203,84                       | 24,76 | 13,45  | 89,79                           | 21,01 | 11,33  |
| RB969017  | 202,87                       | 25,13 | 12,77  | 89,76                           | 21,21 | 10,68  |
|           |                              |       |        |                                 |       |        |
|           | PC                           | PCC   | ART    | PC                              | PCC   | ART    |
| RB006995  | 19,42                        | 15,76 | 184,80 | 17,08                           | 13,82 | 160,16 |
| RB058046  | 19,33                        | 16,41 | 190,45 | 17,03                           | 14,33 | 164,17 |
| RB098022  | 19,27                        | 16,20 | 188,64 | 17,00                           | 14,16 | 162,89 |
| RB855536  | 19,09                        | 16,32 | 189,67 | 16,91                           | 14,26 | 163,61 |
| RB867515  | 19,82                        | 16,72 | 191,72 | 17,29                           | 14,58 | 165,07 |
| RB966928  | 19,00                        | 15,91 | 185,17 | 16,86                           | 13,94 | 160,41 |
| RB969017  | 19,11                        | 16,07 | 187,76 | 16,92                           | 14,06 | 162,26 |
|           |                              |       |        |                                 |       |        |
|           | ATR                          | TPH   | TAH    | ATR                             | TPH   | TAH    |
| RB006995  | 153,93                       | 31,14 | 31,19  | 134,62                          | 12,81 | 12,38  |
| RB058046  | 158,53                       | 31,00 | 31,02  | 138,45                          | 12,81 | 12,38  |
| RB098022  | 158,25                       | 31,91 | 31,86  | 138,22                          | 12,81 | 12,39  |
| RB855536  | 157,37                       | 30,92 | 30,96  | 137,49                          | 12,81 | 12,38  |
| RB867515  | 162,52                       | 32,36 | 32,21  | 141,77                          | 12,81 | 12,39  |
| RB966928  | 155,07                       | 31,30 | 31,37  | 135,57                          | 12,81 | 12,38  |
| RB969017  | 157,99                       | 31,51 | 31,52  | 137,99                          | 12,81 | 12,38  |

Toneladas de colmo por hectare (**TCH**), Brix (**BRX**), Fibra % (**FIB**), Pol do caldo (**PC**), Pol % corrigido (**PCC**), Açúcares redutores totais (**ART**), Açúcares totais recuperáveis (**ATR**), Toneladas de Pol por hectare (**TPH**) e Toneladas de açúcares por hectare (**TAH**).

A ocorrência da concordância neste caso pode ter duas origens. A primeira é que as observações não possuem problemas, por exemplo quanto à distribuição normal, poucas observações, e/ou dados omissos. Outra possível razão é a utilização de *priori* pouco informativas na inferência bayesiana, o que pode ter gerado estimativas com intervalos de credibilidade maiores, que onde genótipos com médias próximas não se diferenciam significativamente e permanecem no mesmo ranqueamento da frequentista, mas com uma probabilidade de assumir médias estimadas ligeiramente diferentes que alterariam o rank. Isso se evidencia

quando mencionadas as estimativas dos parâmetros genéticos viesados como mencionado anteriormente.

Percebe-se que a abordagem frequentista conseguiu capturar melhor os efeitos e atribuir os resíduos do modelo. Sendo assim, a máxima verossimilhança predomina sobre a densidade a posteriori. Logo, as estimativas pontuais dos parâmetros consideradas ótimas tendem a se aproximar daquelas alcançadas pela frequentista.

Ao se atribuir uma seleção de 43% para essa população, referente aos 3 genótipos mais bem ranqueados, observa-se 100% de coincidência entre os indivíduos selecionados pelas ambas as metodologias, conforme Tabela 8, o que significa que os maiores valores genéticos correspondem aos mesmos genótipos nas duas metodologias. Contudo, em fases iniciais do melhoramento genético da cana-de-açúcar, que não é o caso deste estudo, em que são estudadas dezenas a centenas de genótipos, a coincidência entre as metodologias pode não acontecer integralmente sob os diferentes índices de seleção, quando utilizada *a priori* pouco informativa.

**Tabela 8:** Índice de coincidência dos indivíduos selecionados (%) via modelo bayesiano e modelos mistos *REML/BLUP*.

| Variável | Índice de seleção (%) | Bayes/REML |
|----------|-----------------------|------------|
| TCH      | 43                    | 100        |
| TPH      | 43                    | 100        |
| TAH      | 43                    | 100        |
| TAR      | 43                    | 100        |
| BRX      | 43                    | 100        |
| BRX      | 43                    | 100        |
| PC       | 43                    | 100        |
| PCC      | 43                    | 100        |
| ATR      | 43                    | 100        |

Toneladas de colmo por hectare (TCH), Toneladas de Pol por hectare (TPH), Toneladas de açúcares por hectare (TAH), Açúcares redutores totais (ART), Brix (BRX), Fibra % (FIB), Pol do caldo (PC), Pol % corrigido (PCC) e Açúcares totais recuperáveis (ATR).

Os resultados de Souza et al. (2022), estudando 81 famílias de maracujazeiro-azedo e comparando as metodologias bayesianas e frequentista, corroboram com a semelhança entre famílias selecionadas nas diferentes metodologias, mas também revelam pequenas diferenças dos indivíduos

selecionados, sob diferentes intensidades de seleção. Os *rank*s dos genótipos pelas diferentes inferências e considerando o valor genético dos indivíduos encontram-se na Tabela 9 e na Tabela 10.

**Tabela 9:** *Ranks* dos genótipos de cana-de-açúcar obtidas via modelos bayesiano.

| Rank     | TCH | TPH | TAH | ART | BRX | FIB | PC | PCC | ATR |
|----------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|----|-----|-----|
| RB006995 | 7   | 5   | 5   | 7   | 2   | 1   | 4  | 7   | 7   |
| RB058046 | 2   | 6   | 6   | 2   | 3   | 5   | 3  | 2   | 2   |
| RB098022 | 1   | 2   | 2   | 4   | 5   | 6   | 2  | 4   | 3   |
| RB855536 | 6   | 7   | 7   | 3   | 4   | 3   | 6  | 3   | 5   |
| RB867515 | 3   | 1   | 1   | 1   | 1   | 2   | 1  | 1   | 1   |
| RB966928 | 4   | 4   | 4   | 6   | 7   | 4   | 7  | 6   | 6   |
| RB969017 | 5   | 3   | 3   | 5   | 6   | 7   | 5  | 5   | 4   |

Toneladas de colmo por hectare (TCH), Toneladas de Pol por hectare (TPH), Toneladas de açúcares por hectare (TAH), Açúcares redutores totais (ART), Brix (BRX), Fibra % (FIB), Pol do caldo (PC), Pol % corrigido (PCC) e Açúcares totais recuperáveis (ATR); *rank*s dos 7 (sete) genótipos formados a partir do valor médio somado ao valor predito ( $\mu + g$ ) via modelo bayesiano.

**Tabela 10:** *Ranks* dos genótipos de cana-de-açúcar obtidas via modelos mistos REML/BLUP.

| Rank     | TCH | TPH | TAH | ART | BRX | FIB | PC | PCC | ATR |
|----------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|----|-----|-----|
| RB006995 | 7   | 5   | 5   | 7   | 2   | 1   | 4  | 7   | 7   |
| RB058046 | 2   | 6   | 6   | 2   | 3   | 5   | 3  | 2   | 2   |
| RB098022 | 1   | 2   | 2   | 4   | 5   | 6   | 2  | 4   | 3   |
| RB855536 | 6   | 7   | 7   | 3   | 4   | 3   | 6  | 3   | 5   |
| RB867515 | 3   | 1   | 1   | 1   | 1   | 2   | 1  | 1   | 1   |
| RB966928 | 4   | 4   | 4   | 6   | 7   | 4   | 7  | 6   | 6   |
| RB969017 | 5   | 3   | 3   | 5   | 6   | 7   | 5  | 5   | 4   |

Toneladas de colmo por hectare (TCH), Toneladas de Pol por hectare (TPH), Toneladas de açúcares por hectare (TAH), Açúcares redutores totais (ART), Brix (BRX), Fibra % (FIB), Pol do caldo (PC), Pol % corrigido (PCC) e Açúcares totais recuperáveis (ATR); *rank*s dos 7 (sete) genótipos formados a partir do valor médio somado ao valor predito ( $\mu + g$ ) via modelos mistos – REML/BLUP.

As variáveis produção de açúcares por hectares, relativos às variáveis TPH e TAH nos três municípios, a cultivar RB867515, conhecida por sua rusticidade e riqueza, foi o genótipo mais bem ranqueado, seguido do clone promissor RB098022. Na variável TCH, o clone promissor RB058046 soma-se aos genótipos anteriores como relevante, o que reforça a manutenção dos estudos com esses dois clones na região Norte e Noroeste Fluminense.

O estudo em questão trabalha com uma população reduzida, composta por cultivares comerciais e clones promissores. As avaliações das metodologias podem ser replicadas em experimentos nas fases iniciais do melhoramento genético da cana-de-açúcar, onde há alta variabilidade genética entre os indivíduos e maior número de clones em avaliação.

A equivalência no ordenamento de genótipos nas diferentes abordagens também é encontrada parcialmente em Volpato et al. (2019), que ao estudar modelos multicaracterísticos na seleção de progênies segregantes de soja encontraram pequenas diferenças observadas nos valores genotípicos preditos pelos procedimentos Bayesiano e *BLUP/REML*, resultando em ligeira alteração no *ranking* da progênie selecionada por ambos os procedimentos. Para explicar as equivalências entre as metodologias, os autores se valeram das condições evidenciadas por Resende et al. (2001a): atribuição de *priori* não informativo para os efeitos fixos, *priori* normal para os efeitos aleatórios e verossimilhança normal para o vetor de observações.

## 6. CONCLUSÕES

A metodologia *REML/BLUP* e *Gibbs Sampling* conduziram a resultados divergentes para todas as características no presente estudo.

A inferência bayesiana foi mais robusta para estimação de componentes de variância e indicação de variedades e seleção clones de cana-de-açúcar plantados em diferentes locais.

Como a estimação da herdabilidade pela inferência frequentista teve elevada influência da variabilidade dos anos de corte, recomenda-se que para essa inferência, seja realizada avaliação por ambiente e por corte em experimentos similares nas regiões de estudo.

Não houve diferença no ranqueamento dos genótipos em relação a todas as características em estudo quando utilizadas as inferências frequentista e bayesiana.

A cultivar RB867515 é o genótipo de maior valor genético predito para a maioria das variáveis, estando mais bem ranqueado para a variável TCH, em conjunto com os genótipos RB098022 e RB058046; já para as variáveis TAH e TAH a RB867515, RB098022 e RB969017 foram os três genótipos melhor ranqueados.

Os clones RB058046 e RB098022 devem continuar sendo avaliados na região Norte e Noroeste Fluminense.



## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alves, R. S.; Carvalho Rocha, J. R. D. A. S. de.; Teodoro, P. E.; Resende, M. D. V.; Henriques, E. P.; Silva, L. A.; Bhering, (2018) Multiple-trait *BLUP*: a suitable strategy for genetic selection of Eucalyptus. *Tree Genetics & Genomes*, 14(5), 1-8.
- Balsalobre, T.; Pereira, G. D. S.; Zavaglia, L.; Barreto, F.; Pastina, M.; Garcia, A.; Hoffman, H.; Carneiro, M. (2013) Estimativa da herdabilidade em sentido amplo de características de importância econômica em população comercial biparental de cana-de-açúcar. In Embrapa Milho e Sorgo-Artigo em anais de congresso (ALICE). In: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 7, Uberlândia.
- Barbosa, M. H. P.; Resende, M.D.V.; Dias, L.A.S.; Barbosa, G.V.S.; Oliveira, R.A., Peternelli, L.A.; Daros, E. (2012) Melhoramento genético da cana-de-açúcar para bioenergia: a experiência brasileira de pesquisa em rede com a RIDESA. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* p. 87-98.
- Barbosa, G. V. S. (2014) *Contribuição do melhoramento genético da cana-de-açúcar para a agroindústria canavieira de Alagoas*. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 113 p.

- Barili, L. D.; Vale, N. M. D.; Carneiro, J. E. D. S.; Oliveira, H. R. D.; Vianello, R. P.; Valdisser, P. A. M. R.; Nascimento, M. (2018). Genome prediction accuracy of common bean via Bayesian models. *Ciência Rural*, 48.
- Borém, A.; Miranda, G. V. (2013) *Melhoramento de Plantas*. 6. ed. e aum. Viçosa: UFV. 523 p.
- Carneiro, M. S.; Giacomini, R. C.; Fernandes, A. R. J; Cursi, D. E.; Balsalobre, T. W. A.; Hoffman, H. P. (2019) RB005014 - a sugarcane cultivar with high tillering and agroindustrial yield. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.*, Viçosa, v.19, n. 2, p. 230-234.
- Carvalho, J. L. R.; Vieira, M. D. F. B.; Albuquerque, T. M.; da Costa, G. A. L.; Gomes, R. L. F.; Almeida Lopes, Â. C. (2022) Avaliações de populações de feijão-fava via metodologia *REML/BLUP*. *Revista Caatinga*, 35(4), 783-790.
- Casella, G.; George, E. (1992). Explaining the Gibbs Sampler. *The American Statistician*. 46. P. 167-174.
- Coelho, A. M. (2010) *Comparação de métodos de estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos considerando o Delineamento III aplicado a caracteres quantitativos em milho*. Tese de Doutorado – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” 110p.
- CONAB. (2022) Acompanhamento da safra brasileira: cana-de-açúcar safra 2022/2023. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 22/11/2022.
- COPERSUCAR. Centro de Tecnologia de Cana (CTC). (2001) Manual de controle químico da fabricação de açúcar. Piracicaba, 261p.
- Cordeiro, G. M.; Amouyal, O.; Eloitt, F.; Henry, R. J. Sugarcane. In: KOLE, C. (2007) (Ed.). *Pulses, sugar and tubercrops*. Berlin, GER: *Spring*. p. 175-204. (*Genome Mapping and Molecular Breeding in Plants*, 3).

- Cortes, D. F. M.; Santa-Catarina, R.; Vettorazzi, J. C. F.; Ramos, H. C. C. R.; Viana, A. P., Pereira, M. G. (2019) Development of superior lines of papaya from the Formosa group using the pedigree method and *REML/BLUP* procedure. *Bragantia*, 78, 350-360.
- Costa, M. T. G. P.; Sanches, A.; Munari, D. P. (2009) Estimação bayesiana de parâmetros genéticos de pesos corporais em um rebanho da raça Guzerá. *Nucleus Animalium*, 1(1), 1-13.
- Cotes, J. M.; Crossa, J.; Sanches, A.; Cornelius, P.L. (2006) A bayesian approach for assessing the stability of genotypes. *Crop Science*. 46(6): 2654-2665.
- Crevelari, J. A.; Pereira, M. G.; Azevedo, F. H. V.; Vieira, R. A. M. (2019) Genetic improvement of silage maize: predicting genetic gain using selection indexes and best linear unbiased prediction. *Revista Ciência Agronômica*, 50, 197-204.
- Cruz, C.D.; Carneiro, P.C.S.; Regazzi, A.J. (2014) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, MG: UFV v.2, 668p.
- Cruz, C. D.; Torres, R.A.; Vencovsky, R. (1989) An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. *Revista Brasileira de Genética*, v.12, p.567-580.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. (2004) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. *Editora UFV*. Viçosa: UFV, v.1, 480p.
- Cursi, D.E. (2016) *Análise comparativa de diferentes métodos de seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Piracicaba (SP) – Universidade de São Paulo Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. ESALQ 72p.
- Daetwyler, H. D.; Calus, M. P.; Pong-Wong, R.; Los Campos, G.; Hickey, J. M. (2013) Genomic prediction in animals and plants: simulation of data, validation, reporting, and benchmarking. *Genetics*, 193(2), 347-365.

- Daniels, J.; Roach, B.T. (1987) Taxonomy and evolution in sugarcane. In: HEINZ, D.J. (Ed.). Sugarcane improvement through breeding. Amsterdam, Netherlands: Elsevier Press, p.7-84.
- Dillon, S. L; Shapter, F.M; Robert, H. J; Cordeiro, G; Izquierdo, L; Lee, S.L. (2007) Domestication to crop improvement: genetic resources for *Sorghum* and *Saccharum* (Andropogoneae). *Annals of Botany*, p. 975–989.
- Duane, S; Kennedy, A. D.; Pendleton, B. J.; Roweth, D. (1987) Hybrid Monte Carlo. *Physics Letters B* 195(2) 216 – 222p.
- Dutra Filho, J. A. de; Bastos, G. Q.; Machado, P. R.; Silva, L. J.; Neto, D. E. S.; Chaves, A.; Silva, F. S. G. da (2012) Estimativa do ganho por seleção para produtividade em famílias de cana-de-açúcar. *Comunicata Scientiae*, 3(1), 35-40.
- Dutra Filho, J. A.; Junior, T. C.; Simões Neto, D. E. (2015) Genetic analyses, phenotypic adaptability and stability in sugarcane genotypes for commercial cultivation in Pernambuco. *Genetics and Molecular Research: GMR*, 14(4), 12102-12110.
- Eberhart, S. A.; Russell, W. A. (1966) Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science* 6: 36-40.
- Edwards, J. W.; Jannink, J. L. (2006) Bayesian modeling of heterogeneous error and genotype× environment interaction variances. *Crop Science*, 46(2), 820-833.
- Ehlers, R. S. Introdução à Inferência Bayesiana. Paraná, Brasil: [s.n.], rev.2003 em <http://www.leg.ufpr.br/~paulojus/CE227/ce227/ce227.html> página mantida pela LEG UFPR.

EPE (2019). Análise de Conjuntura dos Biocombustíveis – Ano 2018. Empresa de Pesquisa Energética, Rio de Janeiro. Disponível em: <www.epe.gov.br>. Acesso em: 04/11/2021.

Euzebio, M. P.; Fonseca, I. C. D. B.; Fonseca Júnior, N. D. S.; Nascimento, M.; Giordani, W.; Gonçalves, L. S. A. (2018) Adaptability and stability assessment of bean cultivars of the carioca commercial group by a Bayesian approach. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 40.

FAO. FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Estatistical Databases Agriculture. Disponível em: Acesso em:13/02/2023.

Farias Neto, J. T. D.; Oliveira, M. D. S. P. D.; Resende, M. D. V. D.; Rodrigues, J. C. (2012) Parâmetros genéticos e ganhos com a seleção de progênes de *Euterpe oleracea* na fase juvenil. *Cerne*, 18, 515-521.

Farias Neto, J. T. D., Resende, M. D. V. D. (2001) Aplicação da metodologia de modelos mistos (*REML/BLUP*) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). *Revista Brasileira de Fruticultura*, 23, 320-324.

Fernandes, A. C. (2003) Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar.2. ed. *Piracicaba: EME*,240p.

Ferreira, V. C. P.; Penna, V. M.; Bergmann, J. A. G.; Torres, R. A. (2001) Interação genótipo-ambiente em algumas características produtivas de gado de corte no Brasil. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, 53

Freitas, I. L. de J.; Amaral Junior, A. T. do.; Viana, A. P.; Pena, G. F.; Cabral, P. S.; Vittorazzi, C.; Silva, T. R. C. (2013). Ganho genético avaliado com índices de seleção e com *REML/BLUP* em milho-pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48.

- Firmino, P. R. A. (2009) *Método adaptativo de Markov Chain Monte Carlo para manipulação de modelos bayesianos*. Tese (Doutorado em Engenharia de Produção) - Recife – PE -Universidade Federal de Pernambuco – UFPE, 89p.
- Freiria, G. H.; Gonçalves, L. S. A.; Zeffa, D. M., Lima, W. F.; Fonseca Júnior, N. D. S., Prete, C. E. C.; Fonseca, I. C. D. B. (2020) Bayesian AMMI applied to food-type soybean multi-environment trials. *Revista Ciência Agronômica*, 51.
- Finlay, K. W.; Wilkinson, G. N. (1963) The analysis of adaption in a plant-breeding programme. *Australian Journal of Agriculture Research*, v. 14, p. 742-754.
- Foguel, I. (2016) Brasil: Colônia, Império e República. *Clube de Autores*. 156p.
- Garcia, C. H.; Nogueira, M. C. S. (2005) Utilização da metodologia *REML/BLUP* na seleção de clones de eucalipto. *Scientia Forestalis*, (68), 107-112.
- Gauch, H. G. (1992) Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs, Amsterdam, *Elsevier*, 278p.
- Hofer, A. (1998). Variance component estimation in animal breeding: a review. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 115(1-6), 247-265.
- Hoffmann, H. P.; Fancelli, A. L. ; Matsuoka, S. (1999) Contribuição de variedades melhoradas de cana-de-açúcar no Estado de São Paulo nos últimos cinquenta anos.. In: 7 CONGRESSO NACIONAL DA STAB, Londrina.
- Hongyu, K; Silva, F. de L; Oliveira, A. C. S. de; Sarti, D. A., Araújo, L. B. de, Dias, C. T. dos S. (2015) Comparação entre os modelos AMMI e *GGE biplot* para os dados de ensaios multi-ambientais. *Revista Brasileira de Biometria*, São Paulo, v. 33, n. 2, p. 139-155.
- Júnior, J. M. C.; Assis, G. M. L.; Euclides, R. F.; Oliveira Martins, W. M. ; Wolter, P. F. (2010) Predição de valores genéticos utilizando inferência bayesiana e

- frequentista em dados simulados. *Acta Scientiarum. Animal Sciences*, 32(3), 337-344.
- Landell, M. G. A.; Bressiani, A. (2008) Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: Dinardo-Miranda, L. L.; Vasconcelos, A.C. M.; Landell, M. G. A. (Ed.). Sugarcane. *Campinas: Agronomic Institute*, p. 101-155.
- Lima Neto, J.F.; Dutra Filho, J.A.; Simões Neto, D.E.S.; Silva, A.E.P.; Silva, L.J., Ferreira, C.E. (2013) Avaliação agroindustrial e parâmetros genéticos de clones UFRPE de cana-de-açúcar no litoral Norte de Pernambuco. *Pesquisa Agropecuária Pernambucana* 18(1):8-13.
- Lin, C. S.; Binns, M. R. (1988) A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Canadian Journal of Plant Science*, v.68, n.1, p. 193-198.
- Magnabosco, C. D. U.; Faria, C. U.; Borjas, A.; Lôbo, R. B.; Sainz, R. D. (2001) Implementação da amostragem de Gibbs para estimação de componentes de covariância e parâmetros genéticos em dados de campo de bovinos Nelore. Documentos 37. Embrapa Cerrados. Palatina, DF. 50p.
- Matsuoka, S; Garcia, A. A. F; Calheiros, G.C (1999) Hibridação em Cana-de-açúcar. In Hibridação Artificial de Plantas. *Editora UFV*, Viçosa-MG, 221-254p.
- Matsuoka, S.; Garcia, A. A. F.; Arizono, H. (2005) Melhoramento de cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (ed.) Melhoramento de espécies cultivadas. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa: *Editora UFV*, v.1, p.205-251.
- Mehareb, E. M.; Abazied, S. R. (2017) Genetic variability of some promising sugarcane varieties (*Saccharum* spp) under harvesting ages for juice quality traits, cane and sugar yield. *Open Access Journal of Agricultural Research*, 2(2), 1-14.

- Melo, A.C.O (1999) *Aspectos Práticos Computacionais dos Algoritmos de Simulação MCMC*. Dissertação (Mestrado – Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação) – ICMC-USP, 79p.
- Messina, C. D.; Technow, F.; Tang, T.; Totir, R.; Gho, C.; Cooper, M. (2018) Leveraging biological insight and environmental variation to improve phenotypic prediction: integrating crop growth models (CGM) with whole genome prediction (WGP). *European Journal of Agronomy*, 100, 151-162.
- Misztal, I. (2022) BLUPF90 - a flexible mixed model program in Fortran 90. Manual. University of Georgia.
- Molina, D. E.; Gleich, D.; Datcu, M. (2011) Evaluation of Bayesian despeckling and texture extraction methods based on Gauss–Markov and auto-binomial Gibbs random fields: application to TerraSAR-X data. *IEEE transactions on geoscience and remote sensing*, 50(5), 2001-2025.
- Morais, L. K.; Cursi, D. E.; Santos, J. M.; Carneiro, M. S.; Câmara, T. M. M.; Silva, P. A., Barbosa, G. V.; Hoffman, H. P.; Chapola, R. G.; Fernandes, J. A. R., Gafaffi, R. (2015) *Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (Embrapa Tabuleiros costeiros. Documentos, 200)*.
- Nascimento, M.; Ferreira, A.; Campana, A. C. M.; Salgado, C. C.; Cruz, C. D. (2009a) Multiple centroid methodology to analyse genotype adaptability. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 9, p8-16.
- Nascimento, M.; Ferreira, A.; Campana, A. C. M.; Tomaz, R. S.; Salgado, C. C.; Ferreira, R. P. (2009b) Alteração no método centroide de avaliação da adaptabilidade genotípica. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 44, p. 263-269.
- Nascimento, M.; Peternelli, L. A.; Cruz, C. D.; Nascimento, A. C. C.; Ferreira, R. P.; Bhering, L. L.; Salgado, C. C. (2013) Artificial neural network for adaptability and stability evaluation in alfafa genotypes. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 12, p. 152-156.



- Nascimento, M; Nascimento, A. C. C.; Barroso, L. M. A. (2018) RNA - Aplicação em estudos de adaptabilidade e estabilidade fenotípica. *In: Cruz, C. D.; Nascimento, M. Inteligência Computacional aplicada ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, cap. 11, p. 278-291. ISBN 978-85-7269-606-7.*
- Neto, H. Z.; Santos, R. F. dos., Mata Borsuk da, L. G.; Angeli, H. S.; Berton, G. S. (2019) Sugarcane Family Selection and Genetic Parameter Prediction via the REML/BLUP Methodology. *Journal of Agricultural Science*, 11(11).
- Ng'ombe, J. N.; Tembo, M. C.; Masasi, B. (2020) "Are they aware, and why?" Bayesian analysis of predictors of small holder farmers' awareness of climate change and its risks to agriculture. *Agronomy*, 10(3), 376.
- Oliveira, R. A.; Daros, E.; Bessalho Filho, J. C.; Zambon, J. L. C.; Ido, O. T.; Weber, H.; Hugo, Z. E. N. I. (2008) Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. *Scientia Agraria*, 9(3), 269-274.
- Paulino, C. D.; Amaral Turkman, A. Murteira, B. (2003) Estatística Bayesiana. Fundação Calouste Gulbenkian, Lisboa.
- Paulino, C. D.; Amaral Turkman, M. A.; Murteira, B., Silva, G.L. (2018) Estatística Bayesiana-Fundação Calouste Gulbenkian – 2ed, 601p.
- Patterson, H.D.; Thompson, R. (1971) Recovery of inter block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, v.58, p.545-554.
- Pedrozo, C. Â.; Benites, F. R. G.; Barbosa, M. H. P.; Resende, M. D. V. D.; Silva, F. L. D. (2009) Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. *Scientia Agraria*. Curitiba, Brasil, v.10, n.1, p031-036.
- Plaisted, R. L. e Peterson, L. C. (1959) A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations or seasons. *American Potato Journal*, v.36, n.11, p.381-385.

- Plummer, M.; Best, N.; Cowles, K.; Vines, K. (2006) CODA: convergence diagnosis and output analysis for MCMC. *R news* 6(1): 7-11.
- Quintal, S. S. R.; Viana, A. P.; CAMPOS, B.; Vivas, M., Amaral, A. T. (2017) Selection via mixed models in segregating guava families based on yield and quality traits. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 39.
- Ramalho, M. A. P.; Santos, J. B.; Pinto, C. A. B. P. (2012) Genética na agropecuária. Lavras, *Editora UFLA*, 566p.
- R Core Team (2018) R: A Language and Environment for Statistical Computing. Viena, Austria, ISBN 3-900051-07-0: R Foundation for Statistical Computing.
- Resende, M. D. V. (1997). Avanços da genética biométrica florestal. *Anais do 14º Encontro sobre temas de genética e melhoramento*, Piracicaba-SP, v. 14. Departamento de Genética – ESALQ/USP.
- Resende, M. D. V. (2000) Inferência Bayesiana e simulação estocástica (amostragem de Gibbs) na estimação de componentes de variância e de valores genéticos em plantas perenes. Colombo: Embrapa Florestas. 68p. (Embrapa Florestas. Documentos, 46).
- Resende, M. D. V.; Duda, L. L., Guimarães, P. R. B, Fernandes, J. S. C. (2001) Análise de modelos lineares mistos via inferência Bayesiana. *Rev Mat Estat.* 19: 41–70.
- Resende, M. D. V. (2002a) Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes, Embrapa Florestas.
- Resende, M.D.V. de (2002b) Procedimentos ótimos de seleção com dados balanceados e desbalanceados. In: Resende, M.D.V. de. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, p. 209-347.

- Resende, M. D. V. (2007) SELEGEN-REML/BLUP: *Sistema estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos*. 1ª edição. Embrapa Florestas, Colombo – PR, Embrapa Floresta, 359p.
- Resende, M.D.V. de (2015) Genética quantitativa e de populações. Visconde do Rio Branco: *Ed. Suprema*, 466p.
- Robinson, G. K. (1991). That *BLUP* is a good thing: the estimation of random effects. *Statistical science*, 15-32.
- Santos, F.; Rabelo, S. R; Matos, M. de; Eichler, P. (2020) *Sugarcane Biorefinery, Technology and Perspectives*, 1st ed.; Academic Press: London, UK, 289p.
- Schaeffer, L. R. (2010) Linear models and animal breeding. Course at the centre for genetic improvement of livestock. Univ. Guelph, 97-98. Disponível em: <https://www.yumpu.com/en/document/view/32561462/linear-models-and-animal-breeding-lawrence-r-schaeffer-centre->
- Sebbenn, A. M.; Bôas, O. V.; Max, J. C. M. (2008) Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento em teste de progênes. *Rev. Inst. Flor*, 20(2), 103-115.
- Shanthi, R.M.; Alarmelu, S.; Balakrishnan, R. (2005) Role of female parent in the inheritance of brix in early selection stages of sugarcane. *Sugar Tech* 7, 39–43 (2005). <https://doi.org/10.1007/BF02942527>
- Sunahara, A. S. (2020) *Análise da relação entre produtividade e impacto científico via métodos de física estatística*. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual de Maringá, Centro de Ciências Exatas, Departamento de Física, Programa de Pós-Graduação em Física - Maringá, PR, 150p.
- Silva, G. C.; Oliveira, F. J.; Anunciação Filho, C. J.; Neto, D. E. S.; Melo, L. J. (2011) Divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 6(1), 52-58.

- Silva, M. A. G. (2012) *Modelos mistos na seleção entre e dentro de famílias de cana-de-açúcar sob o enfoque bayesiano*. 59f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- Silva, F. A. da.; Viana, A. P.; Corrêa, C. C. G.; Carvalho, B. M.; de Sousa, C. M. B.; Amaral, B. D.; Glória, L. S. (2020) Impact of bayesian inference on the selection of *Psidium guajava*. *Scientific Reports*, 10(1), 1-9.
- Silva, M. A. G.; Peternelli, L. A.; Nascimento, M., Silva, F. L. da. (2013) Modelos mistos na seleção de famílias de cana-de-açúcar aparentadas sob o enfoque clássico e bayesiano. *Revista Brasileira de Biometria*, 31(1), 1-12.
- Sorensen, D.; Gianola, D. (2007) Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics, Springer Science & Business Media.
- Souza, A. O. (2020) *Métodos estatísticos frequentista e bayesianos no melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro-azedo*. Tese (Doutor em Produção Vegetal) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 67p.
- Souza, A. O.; Viana, A. P.; Silva, F. F. e.; Azevedo, C. F.; Silva, F. A.; Silva, F. H. L. e (2022). Row–Col and Bayesian approach seeking to improve the predictive capacity and selection of passion fruit. *Scientia Agricola*, 79 (Sci. agric. (Piracicaba, Braz.), 2022 79(4)).
- Stan Development Team. (2022). Stan Modeling Language Users Guide and Reference Manual, version 2.18. <https://mc-stan.org>. Acessado em 16/01/2022.
- Tew, T.L.; Cobill, R.M. (2008) Genetic Improvement of Sugarcane (*Saccharum* spp.) as an Energy Crop. In: VERMERRIS, W. Genetic Improvement of Bioenergy Crops. *Springer*, New York, cap. 9, p. 273-294.
- Thompson Jr, W. A. (1962) The problem of negative estimates of variance components. *The Annals of Mathematical Statistics*, 273-289.

- Valadares, N. R.; Fernandes, A. C. G.; Rodrigues, C. H. O.; Silva, M. T. N. L.; Silva, R. B.; Inácio, K. B.; Azevedo, A. M. (2022) Abordagem bayesiana na avaliação da dissimilaridade em clones de batata-doce. *Scientia Plena*, 18(3).
- Viana, A. P.; Resende, M. D. V. (2014) Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras. Rio de Janeiro: Interciência, 296p.
- Villemereuil, P. de. (2019) On the relevance of Bayesian statistics and MCMC for animal models. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 136(5), p. 339-340.
- Wang, C. S.; Rutledge, J. J.; Gianola, D. (1994) Bayesian analysis of mixed linear models via Gibbs sampling with an application to litter size in Iberian pigs. *Genetics Selection Evolution*. v.26, p. 91.
- Weigel, K. A; Gianola, D. (1992) Estimation of heterogeneous within-herd variance components using empirical Bayes methods: a simulation study. *Journal of Dairy Science*, 75(10), 2824-2833.
- Van Ravenzwaaij, D.; Cassey, P.; Brown, S. D. (2018) A simple introduction to Markov Chain Monte–Carlo sampling. *Psychonomic bulletin & review*, 25(1), 143-154.
- Volpato, L.; Alves, R. S.; Teodoro, P. E.; Vilela de Resende, M. D., Nascimento, M., Nascimento, A. C. C., Borém, A. (2019) Multi-trait multi-environment models in the genetic selection of segregating soybean progeny. *PloS one*, 14(4), e0215315.
- Xavier, M. A.; Perecin, D.; Alvim, K. R. D. T.; Landell, M. G. D. A., Arantes, F. C. (2014) Seleção de famílias e progênies de irmãos completos de cana-de-açúcar para atributos tecnológicos e de produção pelo método de REML/BLUP. *Bragantia*, 73, 253-262.
- Xavier, C.M (2019) *Métodos de Monte Carlo Hamiltoniano aplicados em modelos GARCH*. Tese (Doutorado - Programa Interinstitucional de Pós-graduação em

Estatística Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação), Universidade de São Paulo, 87p.

Yan, W.; Hunt, L. A.; Sheng, Q. L.; Szlavnic, Z. (2000) Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE Biplot. *Crop Science*, v.40, p.597-605.

Yokoo, M. J. I.; Rosa, G. D. M.; Cardoso, F. F.; Magnabosco, C. D. U.; Albuquerque, L. G. (2013) O uso da estatística Bayesiana no melhoramento genético animal: uma breve explicação. *Scientia Agraria Paranaensis – Marechal Rondon*, p.247-257.

Zeni Neto, H.; Borsuk, L. G. D. M.; Santos, L. R. F. D.; Angeli, H. S.; Berton, G. S.; Sousa, L. L. D. (2020) Genetic diversity and population structure of sugarcane (*Saccharum* spp.) accessions by means of microsatellites markers. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 42.

Zobel, R. W.; Wright, M. J.; Gauch, H. G. (1988) Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*, v.80, p.388-393.

## APÊNDICE

### Exemplo de cartão de parâmetros a ser usado no BLUPF90+.

```

DATAFILE
blpdados.txt
TRAITS
5
FIELDS_PASSED TO OUTPUT
4
WEIGHT(S)
RESIDUAL VARIANCE
1.0
EFFECT #intercept
16 cross alpha
EFFECT #year
1 cross alpha
RANDOM
diagonal
EFFECT # area bloco
14 cross alpha
RANDOM
diagonal
EFFECT # variedade
4 cross alpha
RANDOM
diagonal
OPTION missing -9
OPTION sol se
OPTION store_accuracy 4
OPTION method VCE
OPTION se_covar_function h2
    G_4_4_1_1/(G_4_4_1_1+G_2_2_1_1+G_3_3_1_1+R_1_1)
#OPTION EM-REML -40000
OPTION origID
OPTION remove_all_missing
OPTION solution mean

```