



# Simpósio de Integração Acadêmica

Inteligência Artificial: A Nova Fronteira da Ciência Brasileira  
SIA UFV Virtual 2020



## Inferência Bayesiana e seleção via FAID: aplicação no melhoramento de soja .

Universidade Federal de Viçosa.

Jeniffer Santana Pinto Coelho Evangelista<sup>1</sup>; Leonardo Lopes Bhering<sup>2</sup>; Emanuel Ferrari do Nascimento<sup>3</sup>,

<sup>1</sup> Doutoranda em genética e melhoramento de plantas /UFV. – jenifferspce@gmail.com ; <sup>2</sup> Professor Orientador, Departamento de Biologia Geral/UFV; <sup>3</sup> Estudante de Agronomia/UFV, Bolsista PIBIC/CNPq.

Área: Biometria , Genética e Melhoramento de Plantas.

Categoria: Pesquisa.

Palavras-chave: MCMC, DIC, seleção genética.

### Introdução

A interação genótipo por ambiente ( $G \times E$ ), pode causar dificuldades na seleção genética, pois esta influencia a expressão gênica. Nesse contexto, é necessário utilizar métodos precisos para a predição dos valores genéticos. Atualmente a inferência Fisheriana é a mais utilizada para as estimativas dos componentes de (co) variância e valores genéticos. Entretanto, muitas pesquisas, ao comparar inferências Bayesiana x Fisheriana, relatam aumento na precisão preditiva ao utilizar inferência Bayesiana.

### Objetivo

Diante do exposto, o objetivo deste estudo foi: Avaliar a aplicabilidade e eficiência do índice análise de fatores e ideótipos desejados (FAID) na seleção de genótipos adaptados e estáveis de soja via inferência bayesiana.

### Material e Métodos

Foram utilizados dados referentes à avaliação de 30 genótipos de soja, em 10 municípios, em relação à característica produtividade de grãos em kg ha<sup>-1</sup>. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições. O melhor ajuste de modelo foi testado utilizando o critério de informação de desvio (DIC). Os componentes de variância dos parâmetros genéticos e não genéticos e valores genotípicos foram obtidos através da amostragem de Gibbs via algoritmo de Monte Carlo Cadeia de Markov(MCMC). O índice FAID foi utilizado como estratégia para identificar os genótipos com adaptabilidade e estabilidade, e aplicou uma intensidade de seleção de 20%.

### Resultados e Discussão

Valores de DIC indicam que os efeitos aleatórios do modelo estatístico são significativos. O intervalo HPD das densidades posteriores dos parâmetros genéticos e não genético, constatou significância para todos os componentes de variância. Os efeitos associados aos genótipos, interação  $G \times E$  e resíduos, explicaram 19%, 21% e 60%, respectivamente, da variância fenotípica. A acurácia seletiva indica uma precisão experimental muito alta (0.90). O ganho previsto com a seleção, para todos os ambientes simultaneamente, foi de 4.81%.

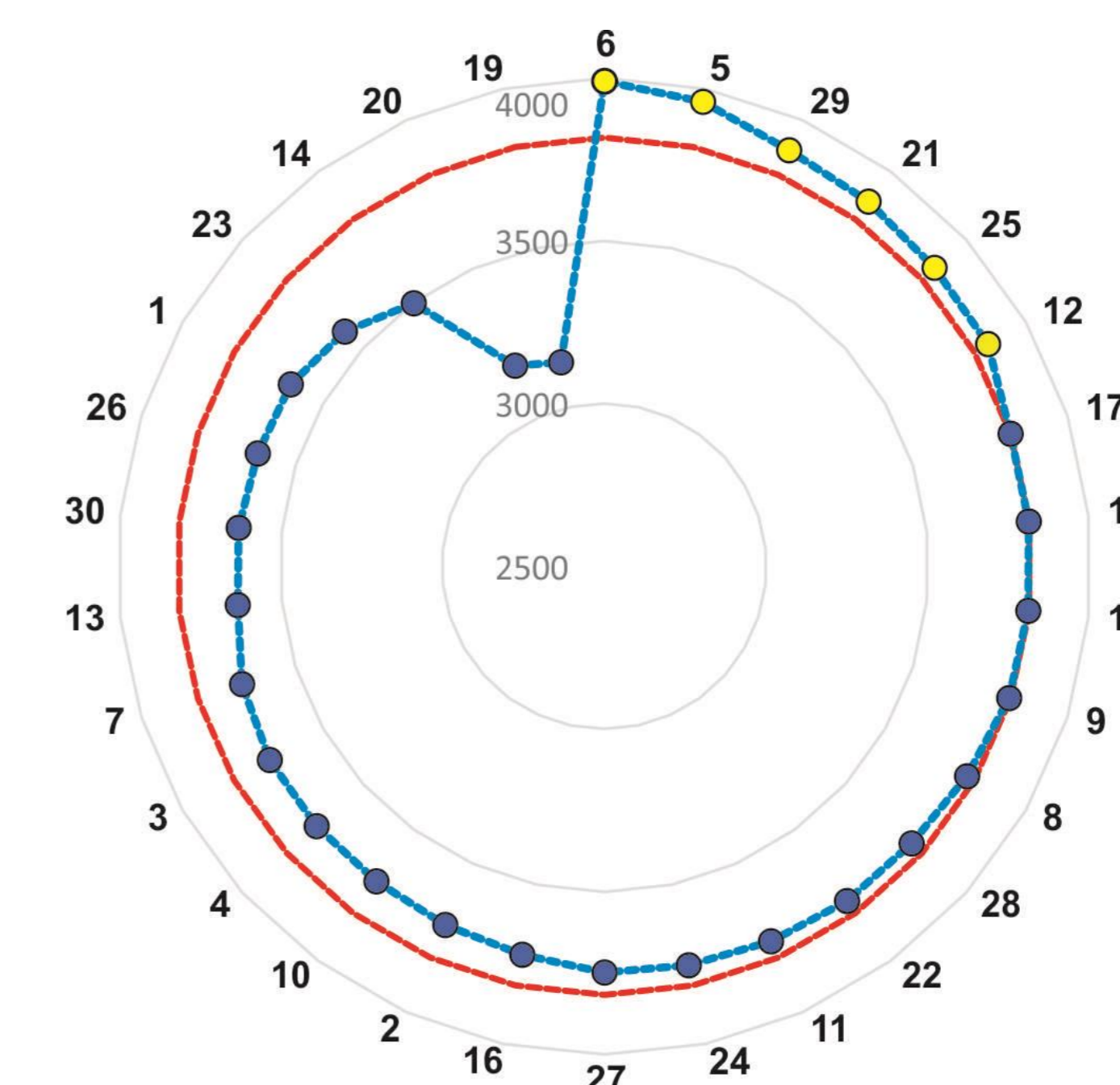


Figura 1. Classificação dos genótipos avaliados por meio da análise fatorial e distância genótipo-ideótipo (FAID) com base em valores genotípicos estimados por meio de inferência bayesiana. Circulo amarelo: representa o genótipo selecionado com maior adaptabilidade e estabilidade. Circulo azul: representa o genótipo não selecionado. Linha vermelha: intensidade de seleção.

### Conclusão

A inferência Bayesiana juntamente com o índice FAID, demonstram sua eficiência e aplicabilidade, selecionando genótipos adaptáveis, estáveis e produtivos, alcançando ganhos consideráveis para os ambientes avaliados.

### Apoio Financeiro

