



Simpósio de Integração Acadêmica

“A Transversalidade da Ciência, Tecnologia e Inovações para o Planeta”
SIA UFV Virtual 2021



COMPARAÇÃO DE METODOLOGIAS PARA AVALIAÇÃO DE DADOS LONGITUDINAIS

Emanuel Ferrari do Nascimento¹; Leonardo Lopes Bhering²; Arthur Mayrink Elizeu³; Marco Antônio Peixoto⁴; Jeniffer Santana Pinto Coelho Evangelista⁵; Flávio Rodrigo Gandolfi Benites⁶.

¹Graduando em Agronomia pela Universidade Federal de Viçosa (emanuel.nascimento@ufv.br); ²Orientador, professor na Universidade Federal de Viçosa (leonardo.bhering@ufv.br);

³Doutorando pela Universidade Federal de Viçosa (arthurmelizeu@gmail.com); ⁴Doutorando pela Universidade Federal de Viçosa (marco.peixotom@gmail.com); ⁵Doutoranda pela Universidade Federal de Viçosa (jenifferspce@gmail.com); ⁶Pesquisador da Embrapa Gado de Leite (flavio.benites@embrapa.br).

Área temática: Melhoramento de Plantas; Grande área: Ciências Agrárias; Categoria do trabalho: Pesquisa.

Palavras-chave: forrageira, estruturas de (co)variância, modelos mistos.

Introdução

O gênero *Cynodon* é constituído por gramíneas forrageiras amplamente adaptadas às regiões tropicais e subtropicais. As espécies deste gênero destacam-se entre as forragens mais utilizadas para pastejo bem como produção de feno e silagem de alta qualidade no Brasil. Em programas de melhoramento genético de *Cynodon*, a avaliação das características agrônomicas de interesse é baseada em dados longitudinais, de modo que um mesmo genótipo é fenotipado várias vezes ao longo do tempo.

Objetivos

Realizar a comparação entre diferentes modelos para avaliação de dados longitudinais em gramíneas forrageiras do gênero *Cynodon*.

Material e Métodos

Gênero: *Cynodon*

Genótipos avaliados: 197 progênies de autofecundação da cultivar Grama Estrela Roxa e 5 testemunhas comerciais.

Testemunhas comerciais

- Florona
- Porto Rico
- Roxa
- Tifton 68
- Tifton 85

Características avaliadas:

Peso verde - PV (kg parcela⁻¹)
Altura de planta - ALT (cm)
Concentração de matéria seca - MS (%)
Vigor de planta - VIG (escala)

Foi utilizado o delineamento em blocos aumentados, com quatro repetições e uma planta por parcela. A metodologia de modelos mistos foi empregada para estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos via máxima verossimilhança restrita (REML) e prever os valores genéticos via melhor predição linear não viesada (BLUP). Onze modelos foram ajustados e comparados pelo critério de informação de Akaike (AIC), em que o menor valor de AIC indica o modelo de melhor ajuste para os efeitos genéticos e não genéticos. Cinco estruturas de (co)variância foram utilizadas para a modelagem dos efeitos: Identidade de Variância (IDV), Diagonal (DIAG), Autorregressivo heterogêneo de 1ª ordem (AR1H), Correlação heterogênea (CORH) e Fator analítico (FA). A significância de cada efeito foi testada pelo Teste de Razão de Verossimilhança (LRT).

Resultados e Discussão

Para ALT o modelo 10, que adota a estrutura de (co)variância de CORH para o efeito de clone, apresentou o menor valor de AIC (4783.35), sendo considerado o de melhor ajuste para a modelagem dos efeitos genéticos e não genéticos. Essa estrutura resultou em uma alta acurácia seletiva (0.82). Para a característica MS, o mesmo modelo conferiu o menor valor de AIC (2640.92), resultando em uma acurácia de 0,69. Já o modelo de melhor ajuste para PV foi o modelo 11, que adota uma estrutura de (co)variância de FA, apresentando um valor de AIC de 12385.87 e acurácia de 0.66. Por fim, o modelo 10 também apresentou o menor valor de AIC (-275.2) para VIG e foi considerado o de melhor ajuste, conferindo uma acurácia de 0,76.

Tabela 1: Valores obtidos pelo critério de informação de Akaike (AIC) para todos os modelos testados com diferentes estruturas de matriz de (co)variâncias e estimativas de acurácia contemplando as quatro características envolvidas no estudo.

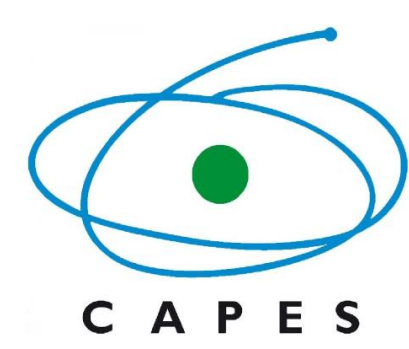
Modelo	Efeito	COV	Altura de planta		Matéria seca		Peso verde		Vigor de planta	
			AIC	Rgg	AIC	Rgg	AIC	Rgg	AIC	Rgg
1		IDV	4841.12	0.88	2739.84	0.70	12549.22	0.61	-75.68	0.77
2	R	DIAG	4825.91	0.86	2712.66	0.71	12544.28	0.6	-121.7	0.8
3		AR1H	4796.07	0.76	2712.89	0.74	12516.49	-	-252.5	0.68
4		IDV	4796.07	0.76	2712.6	0.71	12516.49	-	-252.5	0.68
5	AP	DIAG	4799.05	0.74	8730.95	-	12441.57	0.51	309.73	-
6		DIAG	4790.32	0.79	2640.78	0.70	12402.89	0.52	-266.8	0.69
7	BL	CORH	4784.62	0.79	2642.17	0.70	12407.88	0.51	-265.2	0.69
8		AR1H	4783.91	0.79	2642.39	0.70	12396.98	0.52	-269.9	-
9		DIAG	4808.18	0.42	2650.33	0.6	12405,03	0.24	-244.7	0.23
10	CL	CORH	4783.35	0.82	2640.92	0.69	12392.47	0.56	-275.2	0.76
11		FA	4790.61	0.78	2645.83	0.70	12385.87	0.66	-269.9	0.75

R: efeito residual; AP: efeito de ambiente permanente; BL: efeito ambiental de bloco; CL: efeito de clone; IDV: Identidade de Variância; DIAG: Diagonal; AR1H: Autorregressiva heterogênea de 1ª ordem; CORH: Correlação heterogênea; FA: Fator analítico.

Conclusões

O modelo 10 que utiliza uma estrutura de Correlação heterogênea (CORH) confere o melhor ajuste para modelagem dos efeitos de clone para as características altura de planta, concentração de matéria seca e vigor de planta. Já para a característica peso verde, o modelo 11, que preconiza uma estrutura de (co)variância de Fator analítico (FA) é o ideal para a modelagem dos efeitos de clone.

Apoio Financeiro



Agradecimentos

