

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a) autor(a), o texto completo deste trabalho será disponibilizado somente a partir de 06/10/2017.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

CÂMPUS DE JABOTICABAL

**ABORDAGEM BAYESIANA E MODELOS MISTOS PARA
EXPERIMENTOS MULTIAMBIENTES NA CULTURA DA
SOJA**

Alysson Jalles da Silva

Engenheiro Agrônomo

2017

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL

**ABORDAGEM BAYESIANA E MODELOS MISTOS PARA
EXPERIMENTOS MULTIAMBIENTES NA CULTURA DA
SOJA**

Alysson Jalles da Silva

Orientador: Prof. Dr. Antonio Orlando Di Mauro

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutor em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas).

2017

S586a Silva, Alysso Jalles da
Abordagem Bayesiana e modelos mistos para experimentos multiambientes na cultura da soja / Alysso Jalles da Silva. -- Jaboticabal, 2017
iii, 33 p. ; 29 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2017
Orientador: Antonio Orlando Di Mauro
Banca examinadora: Flávio Cese Arantes, João Antonio da Costa Andrade, Dilermando Perecin, Antonio Luís de Oliveira
Bibliografia

1. *Glycine max.* 2. Melhoramento genético. 3. Modelagem matemática. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 633.34:631.52

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: ABORDAGEM BAYESIANA E MODELOS MISTOS PARA EXPERIMENTOS
MULTIAMBIENTAIS NA CULTURA DA SOJA

AUTOR: ALYSSON JALLES DA SILVA

ORIENTADOR: ANTONIO ORLANDO DI MAURO

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Doutor em AGRONOMIA
(GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. ANTONIO ORLANDO DI MAURO
Departamento de Produção Vegetal / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Pesquisador Dr. FLÁVIO CESE ARANTES
BAYER S.A. / Londrina/PR

Prof. Dr. JOAO ANTONIO DA COSTA ANDRADE
Departamento de Biologia e Zootecnia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira

Prof. Dr. DILERMANDO PERECIN
Departamento de Ciências Exatas / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Prof. Dr. ANTONIO LUÍS DE OLIVEIRA
FAFRAM - Ituverava, SP

Jaboticabal, 06 de abril de 2017.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Alysson Jalles da Silva – Nascido em 24 de março de 1990 em Teotônio Vilela-Alagoas, filho de Amaro José da Silva (*in memorian*) e Maria Aureliano da Silva. Iniciou seus estudos em ciências agrárias no ano de 2001 na Escola Agrícola São Francisco de Assis (Ensino fundamental) (EASFA, Junqueiro-AL), realizou Ensino médio e curso Técnico em Agropecuária no período de 2005 a 2007 na Escola Agrotécnica Federal de Satuba (EAFS) (Atual: Instituto Federal de Alagoas, Satuba-AL). Fez agronomia no período de fevereiro/2008 a fevereiro/2012, na Universidade Federal de Alagoas, Maceió (UFAL). Durante o bacharelado foi monitor de duas disciplinas: biotecnologia (Docente responsável: Prof. Dr. Cicero Eduardo Ramalho Neto) e forragicultura (Docente responsável: Prof. Dr. José Teodorico de Araújo Filho). Também foi colaborador em 6 projetos do Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica (PIBIC) na área de melhoramento genético de plantas sob orientação do Prof. Dr. Paulo Vanderlei Ferreira. Além disso, participou de um projeto de extensão desenvolvido no Litoral Norte de Alagoas como bolsista do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CONRAD) (Docente responsável: Prof. Dr. José Roberto Santos). Fez o curso de mestrado no período de fevereiro/2012 a julho/2013, na Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife-PE (UFRPE) onde foi bolsista pela Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia de Pernambuco (FACEPE), trabalhando com melhoramento de hortaliças e desenvolvendo o projeto “seleção de linhagens de tomate resistentes à *Meloidogyne enterolobi*” sob orientação do Prof. Dr. José Luiz Sandes de Carvalho Filho. Ingressou em agosto/2013 no doutorado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Unesp, Câmpus de Jaboticabal e bolsista CAPES sob orientação do Prof. Dr. Antonio Orlando Di Mauro. Ainda no doutorado o Pós-Graduando teve a oportunidade de trabalhar com diversos tipos de análises estatísticas usando linguagens de programação. Em março de 2017 foi contratado como Analista de dados pela empresa NovAmérica Agrícola Ltda. Em abril de 2017 tornou-se Doutor em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) com a tese: “Abordagem Bayesiana e modelos mistos para experimentos multiambientes na cultura da soja”.

Quero conhecer os pensamentos de Deus... O resto é detalhe.

Albert Einstein

Aos meus pais, Amaro José da Silva (*In memoriam*) e Maria Aureliana da Silva que sempre me incentivaram a estudar independentemente da situação. Ao Manoel Alves Cabral pela grande ajuda e por acreditar no meu potencial.

DEDICO

Aos meus irmãos Ariana Maria da Silva e Almir Rudson da Silva, a toda minha família. A minha esposa Janiele Silva da Divincula por estar sempre ao meu lado me fazendo companhia e me apoiando. A minha filhinha de um aninho, Júlia Louise Silva da Divincula a quem amo bastante.

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

A Deus por me permitir alcançar um título e conhecimento que será transmitido para outras gerações, usado para o progresso empresarial, da ciência e desenvolvimento regional.

Ao meu pai Amaro José da Silva (*In memoriam*) pelos conselhos proferidos e pelo exemplo de integridade como pessoa.

A minha mãe Maria Aureliana da Silva por ser minha conselheira, incentivadora, apoiadora e mantenedora contínua.

Ao Manoel Alves Cabral pelo apoio paternal e financeiro em todos os momentos da minha vida acadêmica.

A minha família materna e paterna por sempre acreditar que eu poderia “ser alguém na vida”.

A Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Unesp, Câmpus de Jaboticabal pela formação tão ampla na área de melhoramento genético de plantas.

Ao meu orientador Prof. Dr. Antonio Orlando Di Mauro por me aceitar como orientando, por ser um profissional paciente e me permitir fazer um verdadeiro doutorado, aceitando que eu pusesse minhas ideias científicas em prática.

Ao professor Dr. Adhemar Sanches pelos ensinamentos como meu supervisor na disciplina Estatística II (Graduação em administração UNESP/FCAV) e pelas horas dedicadas à minha aprendizagem discutindo sobre métodos Bayesianos.

Aos professores do melhoramento de plantas que atuaram nas disciplinas cursadas por mim: Dr. Alessandro de Mello Varani, Dr. Dilermando Perecin, Dr. Gustavo Vitti Moro, Dr. Rinaldo Cesar de Paula, Dr^a. Janete Aparecida Desidério, Dr^a. Luciana Rossini Pinto e Dr^a. Sandra Helena Uneda-Trevisoli.

Aos professores do melhoramento de animais: Dr. Danisio Prado Munari, Dr. Fernando Sebastian Baldi Rey, Dr. Guilherme Jordão de Magalhães Rosa, Dr. Henrique Nunes de Oliveira e Dr. Roberto Carvalheiro. E ao professor Dr. Carlos Tadeu dos Santos Dias pelos ensinamentos nos tópicos especiais “Métodos Estatísticos Multivariados”.

Aos meus amigos da UNESP/FCAV pela amizade duradoura, Alisson Coutinho, Andrea Andrade, Carlos Eduardo (Carlão), Guilherme Diniz, Gustavo Hugo, Hudson Rabelo, Lucas Santos e Natália Aguilar.

Aos colegas do Laboratório de Biotecnologia pelas trocas de experiências: Amanda Prado, Aretha Corrêa, Éder Grolí, Eduardo Bizzari, Elise Pereira, Bruno Henrique, Marcela Marconato, Melina Pirotta, José Arantes, Paulo Selestrino e Wallace Leite.

Aos meus amigos da igreja pelo acolhimento e incentivos constantes: Pr. Alceu, Ângela Santos, Varner, Reginaldo, Max Miller, Helen Roberta, Michéle Santos, Leandro Braz, Mirelle Sara, André Perdiz, Denis Neves, Sirley Santos, Alex, Rodolfo e Isaac.

Aos funcionários do Departamento de produção Vegetal Mônica, Geraldo, Rubens, Sebastião, Mauro e Gabi por desempenharem um papel importante, mantendo o setor funcionando.

Aos funcionários da fazenda de pesquisa da FCAV/UNESP, sobretudo o Marcelo e o tratorista João, que muito contribuíram com o andamento dos experimentos em campo.

A todos que contribuíram de forma direta ou indireta para a realização deste trabalho,

Obrigado!

SUMÁRIO

RESUMO	ii
ABSTRACT	iii
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	2
2.1 Aspectos gerais e melhoramento da soja	2
2.2 Experimentos multiambientes na cultura da soja	5
2.3 Modelos mistos e valores genéticos em soja.....	6
2.4 Abordagem Bayesiana para obtenção de valores genéticos	10
3 MATERIAL E MÉTODOS	12
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	15
4.1 Significância das fontes de variação via análise de deviance e seleção das distribuições a priori	15
4.2 Comparação entre os métodos Bayesianos e modelos mistos e desempenho dos genótipos pelos dos ranques das médias	17
4.3 Correlação entre as metodologias Bayesianas, modelos mistos via REML/BLUP, médias ajustadas (lsmeans) e médias aritméticas simples	22
4.5 Parâmetros genéticos para os métodos Bayesiano e modelos mistos	24
5 CONCLUSÕES	26
REFERÊNCIAS	27

ABORDAGEM BAYESIANA E MODELOS MISTOS PARA EXPERIMENTOS MULTIAMBIENTES NA CULTURA DA SOJA

RESUMO - A utilização da abordagem Bayesiana pode permitir maior eficiência na aplicação de modelos complexos no melhoramento de plantas, tendo em vista a disponibilidade da computação com alto poder de processamento de dados. Objetivou-se neste estudo a obtenção de valores genéticos pela abordagem Bayesiana, comparando com a inferência frequentista (modelos mistos, lsmeans e médias aritméticas simples), em experimentos multiambientes na cultura da soja. Foram avaliadas 51 linhagens de soja e mais 4 testemunhas no delineamento em blocos casualizados em 6 ambientes com 3 repetições para a característica produtividade de grãos da soja $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. Os parâmetros de interesse foram obtidos com o método de Monte Carlo via cadeias de Markov (MCMC) na obtenção de amostras da distribuição a posteriori conjunta. Como informação a priori foram utilizadas as distribuições half-normal a partir dos valores da variância de 18 genótipos de experimentos anteriores e relacionados, bem como a distribuição uniforme. Os valores genotípicos pela abordagem Bayesiana diferiram das médias com a inferência frequentista (modelos mistos, lsmeans e médias aritméticas simples), em experimentos multiambientes na cultura da soja, para os genótipos com alta e baixa produção de grãos. Para os demais casos os quatro métodos testados foram equivalentes. A abordagem Bayesiana com informações a priori derivadas de experimentos anteriores com soja pode ser utilizada nas análises no melhoramento genético dessa cultura. O método de modelos mistos (REML/BLUP) apresentou valores de médias e parâmetros genéticos bem próximos do método Bayesiano para herdabilidade em nível de média (h^2_{mg}), Acurácia na seleção dos genótipos (Acgen), Coeficiente de variação genético (CVgi%) e Coeficiente de variação ambiental (CVe%).

Palavras-chave: *Glycine max*, distribuição a priori no melhoramento genético, modelagem matemática.

BAYESIAN AND MIXED MODELS APPROACH TO MULTIENVIRONMENT TRIALS IN SOYBEAN

ABSTRACT - The Bayesian approach can allow higher efficiency in solving complex models in plant breeding especially with the availability of computing with high-powered data processing. This study aimed to obtain genetic values using Bayesian approach and to compare with frequentist inference (mixed models, lsmeans and simple arithmetic mean) to multienvironment trials in soybean. We evaluated 51 soybean lines and 4 more checks in a randomized complete block design in 6 environments with 3 replications to soybean grain yield $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. The parameters of interest were obtained with the method of Monte Carlo Markov chains (MCMC) to obtain samples of the joint posterior distribution. As a priori information the half-normal distribution was used from the values of the variance of 18 genotypes from previous and related experiments as well as the uniform distribution. The genotypic values via Bayesian approach differed from the average with frequentist inference in multienvironment trials in soybean, for genotypes with high and low grain yield. In the other cases the four tested methods were equivalents. The Bayesian approach with priori information derived from previous experiments of soybean can be used in genetic breeding of this crop. The method of mixed models (REML/BLUP) showed slightly different values of means and genetic parameters of the Bayesian method to average heritability (h^2_{mg}), accuracy of genotypes selection (A_{cgen}), coefficient of genetic variation ($CV_{gi}\%$) and coefficient of environmental variation ($CV_e\%$).

Keywords: *Glycine max*, priori distribution in plant breeding, mathematical modeling.

1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) tem grande importância na alimentação humana e animal. O óleo extraído dessa leguminosa é utilizado principalmente com fins industriais. A soja pode ser empregada ainda como fonte de proteína, por seu baixo custo e alto teor de óleo. Na alimentação animal é utilizada na composição de ração e ainda como veículo de medicamentos. Em outras áreas torna-se cada vez maior o uso da soja em produtos industriais como biodiesel, glicerina, sabões, plásticos e tinta para impressão (PAIVA; ALVES; HELENO, 2006). Na safra brasileira de 2016/17 a oleaginosa apresentou uma continuada tendência de crescimento da área plantada, atingindo o percentual de 1,6% em relação à safra passada, totalizando uma produção de 105,56 milhões de toneladas, em uma área de 33,77 milhões hectares, com produtividade média de 3.125 kg.ha⁻¹, 9% a mais que a safra anterior. Portanto o Brasil mantém-se no *ranking* como segundo maior produtor de soja, atrás apenas dos Estados Unidos (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2017).

No melhoramento genético da soja uma das maneiras de se avaliar o desempenho de genótipos é por meio de experimentos multiambientais, onde são avaliados genótipos em diferentes locais, safras e anos. Esses experimentos são extensivamente utilizados no melhoramento genético de plantas, em que alguns genótipos são avaliados, sendo feita a mensuração diferencial da variável resposta em cada local, como consequência da interação genótipos com ambientes (G x E).

Em programas de melhoramento de culturas bem estabelecidos, as informações sobre a variância genotípica e ambiental estão disponíveis a partir das análises estatísticas dos testes das cultivares rotineiramente realizados, em que esses parâmetros genéticos podem ser reutilizados para outras análises. A abordagem Bayesiana se concentra em usar tais informações obtidas a partir de ensaios anteriores ou de outros materiais de constituição genotípica similar para utilizar como informação *à priori* em experimentos futuros (SINGH; AL-YASSIN; OMER, 2015).

Modelagem de dados reais de ensaios envolvendo multiambientais, geralmente, requer computação para modelos complexos como análises conjuntas e multivariadas. Com a disponibilidade de atual nível de poder computacional, a

abordagem Bayesiana torna-se exequível para lidar com complexos modelos estatísticos (OMER et al., 2015).

No melhoramento genético da soja as análises estatísticas multiambientais têm sido feitas do ponto de vista frequentista e, portanto, não utilizam dados de experimentos anteriores como informação a priori. A abordagem frequentista é restritiva e utiliza modelos em que os parâmetros lineares e parâmetros de variância são tratados como constantes e ignoram qualquer informação a priori sobre esses parâmetros. Em contrapartida, a abordagem Bayesiana integra a informação prévia disponível a partir de estudos anteriores com o conjunto de dados atual e fornece uma cobertura mais realista e mais ampla para inferência estatística (SINGH; AL-YASSIN; OMER, 2015).

Na cultura da soja existem relatos de trabalhos em que a metodologia Bayesiana foi utilizada para definir a formação de cluster (PRIOLLI et al., 2013), cálculos de mudança fenológica (SHEN; LIU, 2015) e redes Bayesianas para estudar relação entre caracteres (VALENTIM; SILVA; ALVES, 2007). Contudo, até o presente momento no melhoramento genético de soja com dados fenotípicos não existe utilização de métodos Bayesianos para obtenção de valores genotípicos.

A predição dos valores genotípicos dos materiais superiores é o problema central do melhoramento de plantas, pois é necessário conhecer os valores verdadeiros dos componentes de variância, tornando-se imprescindível o uso de métodos adequados (BORGES et al., 2010). Nesse contexto, os métodos Bayesianos apresentam-se como uma análise alternativa na estimação de valores genotípicos podendo ser utilizado na área de melhoramento de plantas.

Objetivou-se neste estudo a obtenção das estimativas de parâmetros genéticos pela metodologia Bayesiana, comparando com os resultados obtidos pela inferência frequentista (modelos mistos, *lsmeans* e médias aritméticas simples), em experimentos multiambientais na cultura da soja.

5 CONCLUSÕES

1) Os valores genotípicos obtidos pela abordagem Bayesiana, diferiram das médias com a inferência frequentista (modelos mistos, lsmeans e médias aritméticas simples), em experimentos multiambientes na cultura da soja para os genótipos com alta e baixa produtividade de grãos. Para os demais casos os quatro métodos testados foram equivalentes.

- 2) A abordagem Bayesiana com informações a priori de experimentos anteriores com soja pode ser utilizada como uma ferramenta no melhoramento genético dessa cultura.
- 3) O método de modelos mistos (REML) apresentou valores de médias e parâmetros genéticos próximos do método Bayesiano para herdabilidade em nível de média (h^2mg), Acurácia na seleção dos genótipos (Ac_{gen}), Coeficiente de variação genético ($CV_{gi}\%$) e Coeficiente de variação ambiental ($CV_e\%$);
- 4) É necessário avaliar o método Bayesiano em outras condições como: grande número de parcelas perdidas e variâncias dos tratamentos heterogêneas.

REFERÊNCIAS

ALMEIDA, G. C. S.; LAMOUNIER, W. M. Os alimentos transgênicos na agricultura brasileira: evolução e perspectivas. **Organizações Rurais & Agroindustriais**, Lavras, v. 7, n. 3, p. 345-355, 2011.

ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. D. S.; MIRANDA, M. A. C.; CAMPELO, G. J. D. A. Melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes. In: QUEIRÓZ, M. A.; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semii-Árido, v.1, 1999. p. (online). Disponível em: < <http://www.cpatsa.embrapa.br/catalogo/livrorg/> >. Acesso em: 29 dez. 2014.

ANDRADE, A. C. B.; DA SILVA, A. J.; FERRAUDO, A. S.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; DI MAURO, A. O. Strategies for selecting soybean genotypes using mixed models and multivariate approach. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 1, p. 23-31, 2016. Disponível em: < <http://www.academicjournals.org/journal/AJAR/article-full-text-pdf/CD2848756664> >. Acesso em: 05 mar. 2017.

BACAXIXI, P.; RODRIGUES, L. R.; BRASIL, E. P.; BUENO, C. E. M. S.; RICARDO, H. A.; EPIPHANIO, P. D.; SILVA, D. P.; BARROS, B. M. C.; SILVA, T. F.; BOSQUÊ, G. G. A soja e seu desenvolvimento no melhoramento genético. **Revista Científica Eletrônica de Agronomia**, Garça, v. 10, n. 20, p. 1-6, 2011.

BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. Fitting linear mixed-effects models using lme4. **Journal of Statistical Software**, v. 67, n. 1, p. 1-48, 2014.

BORÉM, A.; CONDORI, M.; MIRANDA, G. V. **Mejoramiento de Plantas**. 4.ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2008. 438 p.

BORGES, V.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M.; SANTOS, A. M. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 4, p. 643-649, 2010.

CARNEIRO JÚNIOR, J. M.; DE ASSIS, G. M. L.; EUCLYDES, R. F.; LOPES, P. S. Influência da informação a priori na avaliação genética animal utilizando dados simulados. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 6, p. 1905-1913, 2005.

CARNEIRO JÚNIOR, J. M.; DE ASSIS, G. M. L.; EUCLYDES, R. F.; MARTINS, W. M. D. O.; WOLTER, P. F. Predição de valores genéticos utilizando inferência bayesiana e frequentista em dados simulados. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v. 32, n. 3, p. 337-344, 2010.

CARVALHO, A. D. F.; FRITSCH NETO, R.; GERALDI, I. O. Estimation and prediction of parameters and breeding values in soybean using REML/BLUP and Least Squares. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, n. 3, p. 219-224, 2008.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Séries Históricas de Área Plantada, Produtividade e Produção. **Companhia Nacional de Abastecimento**, 2017. Disponível em: <
http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_02_16_11_51_51_boletim_graos_fevereiro_2017.pdf>. Acesso em: 05 mar. 2017.

COSTA, M. T. G. P.; SANCHES, A.; MUNARI, D. P. Estimação bayesiana de parâmetros genéticos de pesos corporais em um rebanho da raça Guzerá. **Nucleus Animalium**, v. 1, n. 1, p. 1-13, 2009.

CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. L. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, v. 38, n. 219, 1991. Disponível em: <
<http://www.ceres.ufv.br/ojs/index.php/ceres/article/view/2165/203>>. Acesso em: 12 out. 2016.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. vol. 1. 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 2012. 514 p.

DUARTE, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. D. O. Correlation among yield stability parameters in common bean. **Crop Science**, v. 35, n. 3, p. 905-912, 1995.

FREITAS, M. D. C. M. D. A cultura da soja no Brasil: o crescimento da produção brasileira e o surgimento de uma nova fronteira agrícola. **Enciclopédia Biosfera, Centro Científico Conhecer: Goiânia**, v. 7, n. 12, p. 1-12, 2011.

GELMAN, A. Prior distributions for variance parameters in hierarchical models (comment on article by Browne and Draper). **Bayesian analysis**, v. 1, n. 3, p. 515-534, 2006.

GELMAN, A.; RUBIN, D. B. Inference from iterative simulation using multiple sequences. **Statistical science**, p. 457-472, 1992.

GODOI, C. R. C. D. **Divergência genética e predição de valores genotípicos em soja**. 2014. 108 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia, Goiânia, GO, 2014.

GOMEZ, G. M. **Abordagem genética e multivariada na performance agronômica de genótipos de soja oriundos de diferentes genealogias**. 2014. 79 f. Tese (Doutorado)-Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Produção Vegetal, Jaboticabal, SP, 2014.

GONÇALVES, M. C.; FRITSCH NETO, R. **Tópicos especiais de biometria no melhoramento de plantas**. 1ª Ed. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2012. 282 p.

LAM, H.-M.; XU, X.; LIU, X.; CHEN, W.; YANG, G.; WONG, F.-L.; LI, M.-W.; HE, W.; QIN, N.; WANG, B. Resequencing of 31 wild and cultivated soybean genomes identifies patterns of genetic diversity and selection. **Nature genetics**, v. 42, n. 12, p. 1053-1059, 2010.

MAIA, M. C. C.; VELLO, N. A.; ARAÚJO, L. B. D.; DIAS, C. T. D. S.; OLIVEIRA, L. C. D.; ROCHA, M. D. M. Interação genótipo x ambiente com uso da análise de componentes principais para populações de soja selecionadas para resistência a insetos. **Revista Brasileira de Biometria**, v. 31, n. 1, p. 13-27, 2013.

NOGUEIRA, D. A.; SÁFADI, T.; BEARZOTI, E.; BUENO-FILHO, J. Análises clássica e Bayesiana de um modelo misto aplicado ao melhoramento animal: uma ilustração. **Ciência e Agrotecnologia, Lavras**, v. 27, p. 1614-1624, 2003.

NUNES, G. H. S. I. **Interação genótipos x ambientes em eucalipto: implicações sobre a seleção e formas de atenuar seu efeito**. 2000. 160 f. Tese (Doutorado)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2000.

OEHLERT, G. W. A note on the delta method. **The American Statistician**, v. 46, n. 1, p. 27-29, 1992.

OLIVEIRA, G. H. F.; BUZINARO, R.; REVOLTI, L. T. M.; GIORGENON, C. H. B.; CHARNAI, K.; RESENDE, D.; MORO, G. V. An accurate prediction of maize crosses using diallel analysis and best linear unbiased predictor (BLUP). **Chilean Journal of Agricultural Research**, v. 76, n. 3, 2016.

OLIVEIRA, H. N. D.; LÔBO, R. B.; PEREIRA, C. S. Comparação de modelos não-lineares para descrever o crescimento de fêmeas da raça guzerá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 9, p. 1843-1851, 2000.

OMER, S. O.; ABDALLA, A. H.; CECCARELLI, S.; GRANDO, S.; SINGH, M. Bayesian estimation of heritability and genetic gain for subsets of genotypes evaluated in a larger set of genotypes in a block design. **European Journal of Experimental Biology**, v. 4, n. 3, p. 566-575, 2014a.

OMER, S. O.; ABDALLA, A. W. H.; MOHAMMED, M. H.; SINGH, M. Bayesian estimation of genotype-by-environment interaction in sorghum variety trials. **Communications in Biometry and Crop Science**, v. 10, p. 82-95, 2015.

OMER, S. O.; ABDALLA, A. W. H.; SARKER, A.; SINGH, M. Bayesian determination of the number of replications in crop trials. **European Journal of Experimental Biology**, v. 4, n. 6, p. 129-133, 2014b.

PACHECO, R. M.; DUARTE, J. B.; DA SILVA ASSUNÇÃO, M.; JÚNIOR, J. N. Zoneamento e adaptação produtiva de genótipos de soja de ciclo médio de maturação para Goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical (Agricultural Research in the Tropics)**, v. 33, n. 1, p. 23-27, 2007.

PAIVA, B. M. D.; ALVES, R. M.; HELENO, N. M. Aspecto socioeconômico da soja. **Informe agropecuário**, Belo Horizonte, v. 27, n. 230, p. 7-14, 2006.

PELUZIO, J. M.; DE DEUS GEROMINNI, G.; DA SILVA, J. P. A.; AFFÉRRRI, F. S.; VENDRUSCOLO, J. B. G. Estratificação e dissimilaridade ambiental para avaliação de cultivares de soja no estado de Tocantins. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 3, 2012.

PEREIRA, É. M.; GRAVINA, G. A.; THIÉBAUT, J. T. L. Aplicações dos modelos lineares mistos na pesquisa agropecuária. **Natureza on line**, v. 10, n. 2, p. 52-58, 2012.

PINHEIRO, L. C. D. M.; GOD, P. I. V. G.; FARIA, V. R.; OLIVEIRA, A. G.; HASUI, A. A.; PINTO, E. H. G.; ARRUDA, K. M. A.; PIOVESAN, N. D.; MOREIRA, M. A. Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e proteína em soja via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, p. 1246-1253, 2013. Disponível em: < http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-204X2013000900008&nrm=iso >. Acesso em: 05 mar. 2017.

PRADO, E. E. D.; HIROMOTO, D. M.; GODINHO, V. D. P. C.; UTUMI, M. M.; RAMALHO, A. R. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em cinco épocas de plantio no cerrado de Rondônia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 36, n. 4, p. 625-635, 2001.

PRIOLLI, R. H. G.; MENDES-JUNIOR, C. T.; SOUSA, S. M. B.; SOUSA, N. E. A.; CONTEL, E. P. B. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 10, p. 967-975, 2004.

PRIOLLI, R. H. G.; WYSMIERSKI, P. T.; DA CUNHA, C. P.; PINHEIRO, J. B.; VELLO, N. A. Genetic structure and a selected core set of Brazilian soybean cultivars. **Genetics and Molecular Biology**, v. 36, n. 3, p. 382-390, 2013. Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3795172/> >. Acesso em: 12 out. 2016.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria, 2016. Disponível em: < <http://www.R-project.org/> >. Acesso em: 17 out. 2016.

RAMALHO, M. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. Interação dos genótipos por ambientes. In: RAMALHO, M. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora da UFG, 1993. p. 137-170.

RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 65 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 100).

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 561 p.

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 359 p. Disponível em: < http://www.incaper.es.gov.br/congressos/cbmp/apresentacoes/minicursos/Minicurso2_SelegenManual.pdf >. Acesso em: 29 set. 2016.

RESENDE, M. D. V. D.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; ALVES, A. A.; LAVIOLA, B. G.; BHERING, L. L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 7, p. 964-971, 2012.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. 80 f. Dissertação (Mestrado)-Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Genética e Melhoramento, Piracicaba, 2001.

SHEN, Y.; LIU, X. Phenological Changes of Corn and Soybeans over US by Bayesian Change-Point Model. **Sustainability**, v. 7, n. 6, p. 6781-6803, 2015.

SILVA, F. F. E.; VIANA, J. M. S.; FARIA, V. R.; RESENDE, M. D. V. D. Bayesian inference of mixed models in quantitative genetics of crop species. **Theoretical and applied genetics**, v. 126, n. 7, p. 1749-1761, 2013a.

SILVA, M.; PETERNELLI, L.; NASCIMENTO, M.; DA SILVA, F. L. Modelos mistos na seleção de famílias de cana-de-açúcar aparentadas sob o enfoque clássico e bayesiano. **Revista Brasileira de Biometria**, v. 31, p. 1-12, 2013b.

SILVEIRA, G. D.; DI MAURO, A. O.; CENTURION, M. A. P. D. C. Seleção de genótipos de soja para a região de Jaboticabal (SP)(Ano agrícola 23-24). **Científica**, Jaboticabal, v. 34, n. 1, p. 92-98, 2008.

SINGH, M.; AL-YASSIN, A.; OMER, S. O. Bayesian Estimation of Genotypes Means, Precision, and Genetic Gain Due to Selection from Routinely Used Barley Trials. **Crop Science**, v. 55, n. 2, p. 501-513, 2015.

SLEPER, D. A.; SHANNON, J. G. Role of public and private soybean breeding programs in the development of soybean varieties using biotechnology. **AgBioForum**, v. 6, p. 27-32, 2003.

SORENSEN, D.; GIANOLA, D. **Likelihood, bayesian and MCMC methods in quantitative genetics**. Amsterdam: Springer, 2002. 740 p.

STURTZ, S.; LIGGES, U.; GELMAN, A. R2WinBUGS: a package for running WinBUGS from R. **Journal of Statistical software**, v. 12, n. 3, p. 1-16, 2005.

VALENTIM, F. L.; SILVA, R. M. D. A.; ALVES, M. D. C. Modelos de redes bayesiana para incidência da ferrugem asiática na soja, cultivar suprema, em diferentes condições de temperatura e molhamento foliar. In: XXXIX SBPO - A Pesquisa Operacional e o Desenvolvimento Sustentável, 2007, Fortaleza, CE, Brasil, p. 2677-2678.

ZEILEIS, A.; HOTHORN, T. Diagnostic Checking in Regression Relationships. **R News**, v. 2, n. 3, p. 7-10, 2002. Disponível em: < <http://CRAN.R-project.org/doc/Rnews/> >. Acesso em: 19 out. 2016.