

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**UM ESTUDO SOBRE MÉTODOS ESTATÍSTICOS NA
AVALIAÇÃO DE INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTE EM
LINHAGENS DE ARROZ (*Oryza sativa* L)**

**Lina Maria Ramos Molina
Engenheira Agrônoma**

JABOTICABAL - SÃO PAULO - BRASIL
Agosto de 2007

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**UM ESTUDO SOBRE MÉTODOS ESTATÍSTICOS NA
AVALIAÇÃO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTES
EM GENÓTIPOS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.)**

Lina Maria Ramos Molina

Orientador: Prof. Dr. Adhemar Sanches

Co-Orientador: Dr. José Miguel Cotes Torres

Co-Orientador: Dr. Alberto Cargnelutti Filho

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para obtenção de título de Mestre em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas).

JABOTICABAL - SÃO PAULO - BRASIL
Agosto de 2007

Ramos Molina Lina Maria
R175u Um estudo sobre métodos estatísticos na avaliação da interação
genótipo x ambientes em genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.) / Lina
Maria Ramos Molina. -- Jaboticabal, 2007
vii, 68 f. ; 28 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista,
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2007
Orientador: Adhemar Sanches
Banca examinadora: Sandra Helena Unêda Trevisoli, Rinaldo
César de Paula.
Bibliografia

1. Estabilidade. 2. Bayesiana. 3. Biplot. 4. Modelos biométricos. I.
Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 631.52:519.2

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação – Serviço
Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

SUMÁRIO

Página

RESUMO	vi
SUMMARY	vii
CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS	1
1. Introdução	1
2. Revisão de Literatura	2
2.1. Aspectos da interação genótipo x ambiente (IGA)	2
2.2. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica	4
3. Referências	11
CAPÍTULO 2 - TESTE MULTI-AMBIENTAIS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE ARROZ UTILIZANDO O MODELO SREG	18
Resumo	18
1. Introdução	19
2. Material e Métodos	21
3. Resultados e Discussão	24
4. Conclusões	29
5. Referências	30
CAPÍTULO 3 - ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE ARROZ NA COLÔMBIA	34
Resumo	34
1. Introdução	35
2. Material e Métodos	38
3. Resultados e Discussão	41
4. Conclusões	47
5. Referências	48
CAPÍTULO 4 - APLICAÇÃO DA METODOLOGIA BAYESIANA PARA ANÁLISES DE TESTES REGIONAIS DE ARROZ NO LESTE DA COLÔMBIA	51
Resumo	51
1. Introdução	52
2. Material e Métodos	54
2.1. Modelo linear misto para a análise dos testes regionais	55
2.2. Metodologia bayesiana para estimação dos parâmetros do modelo	56
2.3. Análise de estabilidade fenotípica	58
2.4. Análise de rendimento-estabilidade	59
3. Resultados e Discussão	61
4. Conclusões	64

5. Referências	65
CAPÍTULO 5 - IMPLICAÇÕES	67

LISTA DE FIGURAS

Página

CAPÍTULO 2 - TESTE MULTI-AMBIENTAIS NA SELEÇÃO DE LINHAGENS DE ARROZ UTILIZANDO O MODELO SREG

Figura 1. Valores do primeiro e segundo Componentes Principais (CP) dos 12 genótipos de arroz correspondentes a oito genótipos e quatro cultivares comerciais em quatro ambientes no ano 2005 e quatro no 2006, na Colômbia, num gráfico biplot (GGE) .28

LISTA DE TABELAS

Página

CAPÍTULO 2 - TESTE MULTI-AMBIENTAIS NA SELEÇÃO DE LINHAGENS DE ARROZ UTILIZANDO O MODELO SREG.

Tabela 1. Coordenadas geográficas e altitudes das localidades de condução dos experimentos na Colômbia..... 21

Tabela 2. Análise de variância conjunta para a variável produção de arroz (Kg. ha⁻¹) de 12 genótipos em quatro ambientes no ano de 2005 e quatro em 2006, na Colômbia, explicação e porcentagem acumulada dos componentes principais (CP) da interação genótipo x ambiente obtidos no modelo SREG..... 24

Tabela 3. Valores dos Componentes Principais (CP) no SREG, para a variável produtividade de arroz de 12 genótipos em oito ambientes avaliados durante os anos 2005 e 2006 na Colômbia.... 26

CAPÍTULO 3 - ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE ARROZ NA COLÔMBIA.

Tabela 1. Coordenadas geográficas e altitude das localidades de condução dos experimentos na Colômbia..... 38

Tabela 2. Produtividade de grãos de genótipos de arroz (Kg. ha⁻¹) em oito localidades, média geral (Kg. ha⁻¹), coeficiente de variação (CV%), quadrado médio do erro (QMe), sistema de cultivo (SC) e índice ambiental (IA), nos anos 2005 e 2006, na Colômbia. 41

Tabela 3. Análise de Variância da produtividade de grãos (Kg. ha⁻¹) de 12 genótipos de arroz avaliados em oito ambientes durante os anos 2005 e 2006, na Colômbia. . 43

Tabela 4. Estimativa dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de 12 genótipos de arroz nos estados de Meta, Tolima e Huila, na Colômbia, nos anos 2005 e 2006 pelas metodologias de Eberhart & Russell (1966) segundo o coeficiente de regressão (β_1) e coeficiente de determinação (R^2), e pela metodologia de Annicchiarico (1992) segundo o índice de confiança (ω_1)..... 45

CAPÍTULO 4 - APLICAÇÃO DA METODOLOGIA BAYESIANA PARA ANÁLISES DE TESTES REGIONAIS DE ARROZ NO LESTE DA COLÔMBIA.

Tabela 1. Coordenadas geográficas e altitude das localidades de condução dos experimentos na Colômbia..... 54

Tabela 2. Análise de variância conjunta para a variável produção de arroz ($\text{Kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) de 12 genótipos avaliados em cinco ambientes em 2005 e seis ambientes em 2006, na Colômbia. 61

Tabela 3. Estimativas de Bayes para as médias do rendimento e da variância de estabilidade fenotípica de Shukla, para 12 genótipos de arroz avaliados em cinco ambientes no ano de 2005 e seis em 2006, no leste da Colômbia..... 62

Tabela 4. Análise do índice Bayesiano de Rendimento-Estabilidade (BYS), para 12 genótipos de arroz avaliados em cinco ambientes no ano de 2005 e seis em 2006, no leste da Colômbia..... 63

**UM ESTUDO SOBRE MÉTODOS ESTATÍSTICOS NA AVALIAÇÃO DA INTERAÇÃO
GENÓTIPO x AMBIENTES EM GENÓTIPOS DE ARROZ
(*Oryza sativa* L.)**

RESUMO – Análise da interação genótipo x ambiente no melhoramento de plantas tem evoluído bastante na última década pela introdução de novos métodos de análise, melhorando a eficiência na seleção de genótipos testados em diferentes condições ambientais. Neste trabalho foram estudados alguns métodos estatísticos de análise da interação genótipo x ambiente, utilizando dados de oito genótipos de arroz avaliados em diferentes ambientes da Colômbia. Foram feitas a identificação dos genótipos de arroz com adaptabilidade e estabilidade ampla ou específica nas regiões estudadas. Os métodos utilizados e estudados foram SREG (CORNELIUS, et al, 1996), ANNICCHIARICO (1992), EBERHART & RUSSELL (1966), Shukla e análise pelo método Bayesiano que foi feita segundo a metodologia desenvolvida por COTES-TORRES (2004).

Palavras-Chaves: Adaptabilidade e Estabilidade, Annicchiarico, Bayesianana, Biplot, Eberhart & Russell, SREG.

**SOME STUDY ABOUT STATISTICAL METHOD OF GENOTYPE x ENVIRONMENT
INTERACTION EVALUATION IN RICE'S GENOTYPES
(*Oryza sativa* L.)**

SUMMARY – Analysis of genotype x environment interaction in the improvement of plants has improved sufficiently in the last decade for the introductions of the new methods of analysis, having improved the efficiency in the selection of genotypes tested in different environment conditions. In this research some statistical analysis of genotype x environment interactions methods had been studied, evaluated eight genotypes of rices in different environments from Colombiam. Were made the identifications of genotypes with adaptability and stability in the studied regions. The methods used were SREG (CORNELIUS, et al, 1996), ANNICCHIARICO (1992), EBERHART & Russell (1966), Shukla and Bayesiano Method according to COTES-TORRES (2004).

Key Words: Adaptability and stability, Annicchiarico, Bayesianana, Biplot, Eberhart & Russell, SREG.

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

1. INTRODUÇÃO

O principal objetivo de um programa de melhoramento é selecionar genótipos de consistência e elevada produtividade nos mais diversos ambientes. Neste contexto, a baixa eficiência na análise da interação genótipo x ambiente (IGA) pode representar problemas aos melhoristas, por reduzir a precisão de seleção de um ambiente para outro. A presença da interação genótipo x ambiente contribui para um aumento do desvio padrão fenotípico, reduzindo a herdabilidade ao longo dos ambientes, porém, diminuindo os ganhos genéticos potenciais (MATHERSON & RAYMOND, 1986).

Adaptações específicas de genótipos a ambientes podem fazer a diferença entre uma boa e uma excelente variedade (GAUCH & ZOBEL, 1996). Mas, para que isso possa ser avaliado, é preciso dispor de métodos estatísticos que capturem esse tipo de informação.

Para detectar a presença da interação genótipo x ambiente, os genótipos selecionados são avaliados em vários ambientes, que são combinações de vários locais, épocas de cultivo e anos. Se não houvesse a interação genótipo x ambiente, um único ensaio, desenvolvido num só local, seria suficiente para a obtenção de resultados visando a escolha de um melhor genótipo (DUARTE & VENCOSKY, 1999).

O objetivo do presente trabalho foi realizar um estudo da interação genótipo x ambiente para oito genótipos de arroz em diferentes ambientes da Colômbia, cultivados nos anos 2005 e 2006, em condições irrigadas e de sequeiro, por meio de metodologias fundamentadas em diferentes bases teóricas, tais como: EBERHART & RUSSELL (1966), ANNICCHIARICO (1992), SREG (CORNELLIUS et al., 1996), e análise pelo método Bayesiano segundo a metodologia desenvolvida por COTES-TORRES (2004), procurando a melhor alternativa, tendo em vista a seleção de genótipos.

O método de EBERHART & RUSSELL (1966) é um exemplo dos chamados métodos de regressão, e foi incluído por ser um método frequentemente utilizado por

melhoristas. O método de ANNICCHIARICO (1992), embora menos utilizado, foi incluído neste estudo porque utiliza um índice relacionado àquele utilizado no método Bayesiano. O método SREG foi incluído por se tratar de uma metodologia moderna (método multiplicativo) e interessante, que está sendo mais utilizada atualmente. O método Bayesiano (COTES-TORRES, 2004) foi incluído por ser totalmente novo e fundamentado em uma metodologia versátil e de aplicação bastante ampla, havendo grande interesse em avaliá-lo em conjunto com outros métodos tradicionalmente utilizados. O método Bayesiano apresenta grandes vantagens em termos de independência de certas pressuposições que são normalmente exigidas para a validade de grande parte dos métodos usuais, sendo, por isso, de aplicação mais abrangente.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Aspectos da interação genótipo x ambiente (IGA)

A interação genótipo x ambiente (IGA) corresponde à resposta diferencial dos genótipos às mudanças dos ambientes (BOS & GALIGARI, 1997), evidenciando assim, a dependência entre os efeitos genéticos e ambientais. As variações que podem ocorrer no ambiente e que contribuem para a interação foram classificadas por ALLARD & BRADSHAW (1964) em previsíveis e imprevisíveis. As primeiras incluem características permanentes, como o tipo de solo ou de clima, bem como aquelas que se alteram de maneira sistemática como o fotoperíodo ou aspectos ambientais determinados pelo agricultor, tais como data, densidade de semeadura e outras práticas. Já as variações imprevisíveis correspondem às flutuações do clima, como quantidade e distribuição de chuvas, variações de temperatura e outros fatores tais como os patógenos e insetos. Para esses autores, a distinção entre essas duas categorias não é sempre clara e as características incluídas variam de uma cultura para outra.

Para a detecção da IGA é preciso que diferentes genótipos sejam avaliados em dois ou mais ambientes contrastantes, pois a avaliação em apenas um ambiente não permite que o componente da interação seja isolado, ocasionando erros nas estimativas

da variância genética e, conseqüentemente, nas estimativas da herdabilidade e, assim, o ganho com a seleção também está sujeito a erro.

Para minimizar os efeitos da IGA na escolha de genótipos, existem pelo menos três opções possíveis: identificar cultivares específicas para cada ambiente, realizar o zoneamento ecológico e identificar cultivares com maior estabilidade fenotípica. (RAMALHO et al., 1993).

A primeira é uma opção teoricamente possível, mas de difícil aplicação na prática, onde os genótipos seriam avaliados em vários ambientes e através da análise dos dados seriam identificadas as melhores cultivares para cada ambiente específico, porém qualquer variação imprevisível nas condições em que forem realizados os experimentos, pode fazer com que o genótipo genético não mais se mostre adaptado para o ambiente especificado. A segunda opção é o zoneamento ecológico ou estratificação dos ambientes, que consiste em identificar e agrupar ambientes ecologicamente semelhantes em sub-regiões, de modo que dentro de uma sub-região os genótipos não mostrem interação significativa com ambientes.

O zoneamento é possível apenas com base em diferenças macro-ambientais, tornando-o vulnerável às variações imprevisíveis que possam ocorrer no ambiente, e também a interação genótipo x ano não pode ser controlada por esse método. Pode-se utilizar, como medida de similaridade ou distância ecológica entre ambientes, as magnitudes dos quadrados médios da IGA ($QM_{G \times A}$), obtidas em análises de variância conjunta de todos os pares de ambientes, normalmente locais (HORNER & FREY, 1957).

A partir de cada uma dessas análises, dois locais serão considerados ecologicamente semelhantes, se não apresentarem significância estatística para o valor do quadrado médio da interação, podendo, assim, ser agrupados numa mesma sub-região. A terceira opção, que consiste em identificar cultivares com maior estabilidade fenotípica tem sido amplamente empregada, uma vez que pode ser adotada nas mais variadas situações.

Ao iniciar um programa de melhoramento é importante definir se o objetivo é desenvolver cultivares produtivas em vários ambientes ou altamente adaptadas a

ambientes específicos. A caracterização prévia do ambiente é fundamental, pois se uma cultivar é superior em ambientes específicos, mas apresenta comportamento muito inferior em outros, será de pequeno valor, se as condições especiais por elas requeridas não forem prevaletentes.

A IGA é ainda muito importante para geneticistas e melhoristas pelo fato de que a magnitude dos componentes da interação fornecem informações sobre a região de adaptação de uma dada cultivar. As magnitudes relativas da interação, do erro e dos componentes genéticos são úteis na determinação de métodos que maximizem o uso do tempo e recursos em um programa de melhoramento (MEREDITH, 1984).

Estudos a respeito da interação genótipo x ambiente, apesar de serem de grande importância para o melhoramento, não proporcionam informações pormenorizadas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais. Para tal objetivo realizam-se análises de adaptabilidade e estabilidade, pelas quais torna-se possível a identificação de cultivares de comportamento previsível e que respondam às variações ambientais, em condições específicas ou amplas. Deve-se considerar que alguns métodos permitem estratificar a população de ambientes em sub-regiões, dentro das quais a interação não se mostre significativa, permitindo, assim, recomendações regionalizadas (DUARTE & ZIMMERMANN, 1991). Outros métodos procuram identificar os genótipos que menos contribuem para a interação (genótipos estáveis) e que poderiam ser recomendados para toda a população de ambientes, desde que apresentem também uma alta produtividade.

2.2. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica

Diversos métodos têm sido propostos, para avaliação da adaptabilidade e estabilidade fenotípica, onde a diferença entre eles é baseada nos próprios conceitos e procedimentos biométricos para quantificar a interação. Deve-se também considerar que alguns métodos são alternativos, enquanto outros são complementares, podendo ser utilizados conjuntamente.

Destacam-se os procedimentos baseados em:

- Métodos baseados em análise de variância: PLAISTED & PETERSON (1959); WRICKE (1965); SHUKLA (1972); ANNICCHIARICO (1992) e MAGARI & KANG (1997).
- Métodos baseados em análise de regressão linear simples: FINLAY & WILKINSON (1963); EBERHART & RUSSELL (1966); PERKINS & JINKS (1968) e TAI (1971).
- Métodos baseados em análise de regressão linear bi-segmentada: VERMA et al. (1978); SILVA & BARRETO (1986); CRUZ et al. (1989) e STORCK & VENCOVSKY (1994).
- Métodos baseados em análise de regressão quadrática: BRASIL & CHAVES (1994).
- Métodos baseados em análise não lineares: CHAVES et al. (1989); TOLER & BURROWS (1998); SILVA (1998) e ROSSE & VENCOVSKY (2000).
- Métodos baseados em análises não paramétricos, como a ordem de classificação genotípica: LIN & BINNS (1988); HUEHN (1990) e FOX et al. (1990).
- Métodos baseados em análises multivariadas que integram a análise comum de variância (método univariado) com a análise de componentes principais (método multivariado): AMMI, SREG, GREG, SHMM e COMM (CORNELIUS et al., 1996).

Uma das principais metodologias utilizadas para avaliar genótipos com relação às variações ambientais é a tradicional análise de grupos de experimentos, na qual a avaliação é feita pela variância dos efeitos de genótipo x local, genótipo x ano e genótipo x local x ano. A significância estatística das interações de genótipos com esses componentes ambientais (local, ano) justifica a partição das somas de quadrados em componentes da variação ambiental dentro de cada genótipo. Os genótipos mais estáveis serão aqueles com menores quadrados médios para os componentes ambientais (OLIVEIRA, 1976).

Segundo FINLAY & WILKINSON (1963) e SMITH et al. (1967), os parâmetros estimados por essa análise conjunta, embora úteis, não fornecem uma indicação adequada da resposta dos genótipos aos diferentes ambientes onde são cultivados.

Este método apresenta a vantagem de poder ser aplicado nas situações em que se dispõe de um número restrito de ambientes (no mínimo três).

O conceito de estabilidade de um genótipo, expresso pela mínima variância entre ambientes, tem sido pouco utilizado pelos melhoristas, possivelmente pelo fato dos genótipos que mantêm comportamento regular entre os ambientes serem, em geral, pouco produtivos. Além disso, esse conceito não é apropriado para avaliar o padrão de comportamento dos genótipos frente às variações ambientais (CRUZ & REGAZZI, 1994).

Um dos métodos que tem sido bastante utilizado é o método de ANNICCHIARICO (1992). Esse método utiliza o índice de confiança (I_i) da performance de uma determinada cultivar em relação à média do ambiente, estimando a probabilidade de uma determinada cultivar apresentar desempenho abaixo da média do ambiente.

O simples fato de se detectar a presença da interação GxA não contribui para o trabalho do melhorista. É necessário procurar meios de atenuar o efeito dessa interação, onde uma das alternativas seria a identificação de cultivares mais adaptadas e estáveis. Dentro desse ponto de vista, é que os métodos que utilizam a análise de regressão linear têm sido bastante utilizados (BECKER & LEON, 1988).

Para este grupo o método mais utilizado é o proposto por EBERHART & RUSSELL (1966), baseado numa análise de regressão linear simples na qual o índice ambiental (efeito do ambiente) é a variável independente, e a produtividade média de cada genótipo em cada ambiente representa a variável dependente. Os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade são, respectivamente, o coeficiente de regressão dos fenótipos em relação aos ambientes e a variância dos desvios dessa regressão. Assim, o genótipo ideal é aquele que apresenta alta produtividade e alta estabilidade, pouca sensibilidade às condições adversas, e capacidade de responder satisfatoriamente à melhoria do ambiente, ou seja, apresentar um coeficiente de regressão igual a 1,0 e desvio da regressão tão pequeno quanto possível. O método pode ser aplicado quando os genótipos são avaliados em um número suficientemente grande de ambientes, de modo a proporcionar comparações estatísticas válidas.

A regressão linear, entretanto, por ser um modelo aditivo, pode não descrever satisfatoriamente o comportamento dos genótipos nos ambientes (YAU, 1995) e depende do grau de influência dos efeitos ambientais sobre os genótipos (ROCHA, 2002). Ela explica muito pouco a heterogeneidade da regressão e pode falhar nos casos em que ocorrem grandes diversidades ambientais, sendo fortemente dependente do grupo de genótipos e ambientes incluídos, e tende a simplificar modelos de resposta por explicar a variação devida à interação em uma única dimensão, quando na realidade ela pode ser bastante complexa, alertando para o risco em sacrificar informações relevantes, para facilitar interpretações estatísticas e biológicas (CROSSA, 1990). Diante dessas limitações, modelos alternativos de análises têm sido buscados, no sentido de explicar melhor a interação GxA.

O método baseado na regressão linear bi-segmentada, capaz de medir a sensibilidade dos genótipos a duas faixas de ambientes favoráveis e desfavoráveis, foi proposto por VERMA et al. (1978), onde os autores definiram uma cultivar ideal, aquela que apresenta alta produtividade associada com alta estabilidade em ambientes desfavoráveis e capaz de responder satisfatoriamente às condições favoráveis de ambiente. Uma das limitações da metodologia mencionada anteriormente, segundo CRUZ et al. (1989), aparece quando um número relativamente pequeno de ambientes é analisado, de tal modo que a análise pode tornar-se impraticável ou os testes estatísticos questionáveis.

Dentro dos métodos não paramétricos, pode-se citar a metodologia de LIN & BINNS (1988), que utiliza o índice de estabilidade P_i , que é o desvio da cultivar i em relação ao genótipo de desempenho máximo em cada ambiente. Logo, as cultivares com as menores estimativas de P_i apresentarão, proporcionalmente, as maiores contribuições da variação genética para esse valor, ou seja, contribuirão pouco para a interação, portanto mais adaptado será este genótipo.

HUEHN (1990) apresentou a medida mais simples de estabilidade no campo não-paramétrico, a qual se baseia na variância dos postos ou ranking para uma determinada cultivar, ao longo de todos os ambientes, onde as cultivares que apresentaram as menores variâncias nos postos foram consideradas as mais estáveis.

FOX et al. (1990) propuseram uma estratificação destes postos para a definição de estabilidade de determinada cultivar. Eles sugeriram, de maneira mais intuitiva, que as cultivares cujas produções ocupassem consistentemente o terço superior dos postos (menores valores = maiores produções) seriam estáveis e teriam características favoráveis à seleção, e aquelas que ocupassem o terço inferior dos postos (maiores valores = menores produções) seriam igualmente estáveis, mas não seriam selecionáveis, devido à baixa produção. KANG & PHAM (1991) concluíram que a estatística de HUEHN (1990) poderia ser ferramenta útil para seleção simultânea de produtividade e estabilidade.

Medidas de estabilidade baseadas em postos não requerem suposições estatísticas sobre a distribuição dos valores fenotípicos. Como já comentado por HUEHN (1990), elas são fáceis de usar e interpretar e, comparadas com as medidas paramétricas, são menos sensíveis a erros de medidas. Além disso, adições ou eliminações de uma ou poucas observações não são causas de grandes variações nas estimativas como seria o caso para as medidas de estabilidade paramétricas (NASSAR & HUEHN, 1987 e LU, 1989).

Segundo DIAS (2005), a maioria dos dados coletados em experimentos na agricultura são de natureza multivariada, porque vários atributos são medidos em cada um dos indivíduos incluídos nos experimentos. Técnicas multivariadas comumente usadas para analisar tais dados incluem análise de componentes principais (ACP); variáveis canônicas ou análise discriminante; análise de correlação canônica e análise de agrupamento. O mesmo autor comenta que GOLLOB (1968) e MANDEL (1969, 1971) propuseram um termo bi-linear para a interação genótipo x ambiente, o qual é uma generalização da regressão no modelo de média, com mais flexibilidade para descrever a interação genótipo x ambiente, pois mais de uma dimensão genótipo x ambiente é considerada.

Nos trabalhos de ZOBEL et al. (1988) e GAUCH (1988), os autores chamaram essa metodologia de modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa – AMMI. Assim, vários modelos multiplicativos são gerados retirando-se o efeito principal do genótipo no modelo de regressão para locais ou sítios – SREG, ou o efeito principal

do ambiente como no modelo de regressão para genótipos - GREG, ou retirar ambos os efeitos como no modelo completamente multiplicativo - COMM. Há, também, um outro modelo multiplicativo chamado modelo multiplicativo deslocado - SHMM (SEYEDSADR & CORNELIUS, 1992) que também é útil para estudar a interação genótipo x ambiente (CROSSA et al., 2002).

Uma tendência atual é o uso de métodos multivariados ou aqueles que integram métodos univariados com multivariados. A análise multivariada segundo JOHNSON & WICHERN (1998) apresenta três objetivos principais: (i) eliminar os “ruídos” presentes nos dados; (ii) sumarizar os dados e (iii) revelar a estrutura dos dados. Ao contrário dos métodos estatísticos clássicos, a função da análise multivariada é elucidar a estrutura interna dos dados a partir de hipóteses que podem ser geradas e depois testadas por métodos estatísticos.

Dois grupos de técnicas multivariadas têm sido utilizados para elucidar a estrutura interna da interação GxA: (i) técnicas de ordenação, tais como a análise de componentes principais e análise de fatores; e (ii) técnicas de classificação, tais como análise de agrupamento e análise discriminante. Dessas, a análise de componentes principais é a mais freqüentemente usada (FLORES et al., 1998). O objetivo principal dessa técnica é transformar os dados a partir de um grupo de eixos de coordenadas, em outro grupo, que preserve, o quanto possível, a configuração original do grupo de pontos e concentre a maior parte da estrutura dos dados no(s) primeiro(s) eixo(s) da análise de componentes principais (CROSSA, 1990). Outro objetivo desta metodologia é selecionar modelos que expliquem o padrão relacionado à interação ($SQ_{G \times A}$ Padrão), descartando os “ruídos” presentes nos dados e sem interesse agrônômico ($SQ_{G \times A}$ Ruídos) (CROSSA, 1990).

As técnicas multivariadas são estatisticamente mais complexas e a falta de disponibilidade de programas computacionais tem limitado bastante seu uso (FLORES et al., 1998). Tais técnicas ganharão maior aceitação à medida que os programas sejam mais informativos, de fácil uso e capazes de utilizar experimentos com dados perdidos.

No melhoramento de plantas, ensaios multi-ambientes (MET - multienvironment trials) e em vários anos são importantes para testar a adaptação geral e específica dos

genótipos. Um genótipo cultivado em diferentes ambientes irá freqüentemente mostrar flutuações significantes na performance de produção relativa a outros genótipos. Portanto, para a análise dos dados obtidos no segundo ano dispõe-se da informação do primeiro ano e assim sucessivamente. Neste contexto, o uso da metodologia Bayesiana é muito indicada para os programas de melhoramento de plantas.

Na atualidade têm-se utilizado a metodologia Bayesiana para a estimação da variância de Shukla (COTES-TORRES, 2004) e a construção dos índices de estabilidade e rendimento-estabilidade para a seleção de genótipos. COTES et al. (2006) aplicaram a metodologia Bayesiana para estimar os componentes de estabilidade fenotípica de Shukla, e observam que é possível incorporar informação a priori (especialmente nos genótipos testemunha), além de considerar dados desbalanceados e heterogeneidade de variância entre os ambientes. Também a metodologia Bayesiana aplicada à estimação de componentes de variância tem a vantagem de não produzir estimativas negativas (BOX & TIAO, 1973), como acontece com outras metodologias (SEARLE et al., 1992).

Por último, é importante enfatizar que a análise estatística deve ser a melhor possível e, ao mesmo tempo, suficientemente prática para que o melhorista possa efetivamente utilizá-la.

3. REFERÊNCIAS

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, v. 4, n. 5, p. 503-508, 1964.

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, v. 46, p. 269-278, 1992.

BECKER, H. C.; LÉON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant Breeding**, Berlin, v. 101, n. 1, p. 1-23, 1988.

BOS, I.; GALIGARI, P. **Selection methods in plant breeding**. London: Chapman & Hall. 1997. 347 p.

BOX, G. E. P.; TIAO, G. C. **Bayesian inference in statistical analysis**. New York: John Wiley & Sons, 1973. 588 p.

BRASIL, E. M.; CHAVES, L. J. Utilización de um modelo quadrático para el estudio de la respuesta de cultivares a la variación ambiental. In: CONGRESSO LATIIONAMERICANO DE GENÉTICA, 11., 1994, Monterrey. **Memorias...** Monterrey: Associação Latinoamericana de Genética, 1994. p. 616.

CHAVES, L. J.; VENCOSKY, R.; GERALDI, I. O. Modelo não-linear aplicado ao estudo da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 24, n. 2, p. 259-268, 1989.

CORNELIUS, P. L.; CROSSA, J.; SEYEDSADR, M. S. Statistical test and estimator of multiplicative model for genotype-by-environment interaction. In: KANG, M.S. e GAUCH Jr, H. G. (Ed.). **Genotype-by-Environment Interaction**. New York: Boca raton, 1996. p. 199-234.

COTES TORRES, J. M. **Análise bayesiana da interação genótipo x ambiente na seleção de genótipos por estabilidade fenotípica e por rendimento-estabilidade**. 2004, 66f. Teses (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2004.

COTES, J.M.; CROSSA, J.; SANCHES, A.; CORNELIUS, P.L. A Bayesian Approach for Assessing the Stability of Genotypes. **Crop Science**, v. 46, p. 2654-2665, 2006.

CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. **Advance Agronomy**, v. 44 p. 55-85, 1990.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L. and YAN, W. Biplot of linear-bilinear models for studying crossover genotype x environment interaction. **Crop Science**, v. 42, p. 619-633, 2002.

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A de.; VENCOVSKY, R. Na alternative approach to the stability analysis proposed by Silva e Barreto. **Revista Brasileira de Genetica**, Ribeirão Preto, v. 12, p. 567-580, 1989.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, Impreso pela Universidade, 1994. 390 p.

DIAS, C.T. S. **Métodos para escolha de componentes em modelo de efeito principal aditivo e interação multiplicativa (AMMI)**. 2005. 80 f. Tese (Livre-docencia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Piracicaba. 2005.

DUARTE, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. de O. Selection of location for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germoplasm evaluation. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 3, p. 765-770, 1991.

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. **Interação genótipos x ambientes**: uma introdução à análise AMMI. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60 p. (Monografias, 9).

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, p. 36-40, 1966.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. Australian. **Journal of Agricultural Research**, v. 14, n. 6, p. 742-754, 1963.

FLORES, F.; MORENO, M. T. CUBERO, J. I. A comparasion of univariate and multivariate methods to analyse GxE interaction. **Field Crop Research**, v. 56, n. 3, p. 271-286, 1998.

FOX, P. N.; SKOVMAND, B. K.; THOMPSON, H. J.; BRAUN, H. J.; CORMIER, R. Yield and adaptation of hexaploid spring triticale. **Euphytica**, v. 47, n. 1, p. 57-64, 1990.

GAUCH Jr, H. G. Model selection and validation for yield trials with interaction. **Biometrics**, v. 44, p. 705-715, 1988.

GOLLOB, H. F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. **Psychometrika**, v. 33, n. 1 p. 73-115, 1968.

HORNER, T. W.; FREY, K. J. Methods for determining natural areas for oat varietal recommendations. **Agronomy Journal**, v. 49, p. 313-315, 1957.

HUEHN, M. Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 1 and 2: Theory and Applications. **Euphytica**, Wageningen, v. 47, n. 3, p. 189-194; 195-201, 1990.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. Applied multivariate statistical analysis. Madison: Prentice Hall International, 1998. 816 p.

KANG, M. S.; PHAM, H. N. Simultaneous selection for high yielding and stable crop genotypes. **Agronomy Journal**, v. 83, p. 161-5, 1991.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 68, p. 193-198, 1988.

LU, H. Y. Studies on nonparametric method of phenotypic stability: I. Comparison between nonparametric and parametric measures. **Journal Agriculture Research**, v. 38, p. 208-15, 1989.

MAGARI, R.; KANG, M. S. SAS–STABLE: Stability analysis of balanced and unbalanced data. **Agronomy Journal**, v. 89, p. 929–932, 1997.

MANDEL, J. The partitioning of interaction in analysis of variance. *Journal Researad Int. Bur. Stand. Sect. B*, v. 73, p. 309-328, 1969.

MANDEL, J. A new analysis of variance model for non-additive data. **Technometrics**, v. 13, n. 1, p. 1-18, 1971.

MATHERSON, A. C.; RAYMOND, C. A. A review of provenance x environment interaction: its practical importance and use with particular reference to the tropics. **The Commonwealth Review**, v. 65, n. 4, p. 283-302, 1986.

MEREDITH Jr., W. R. Quantitative genetics. In.: KOHEL, R.J.; LEWIS, C.E. (Eds.) **Cotton and cotton improvement**. Madison: ASACSSA, 1984. p. 131-150.

NASSAR, R.; HUENH, M. Studies on estimation of phenotypic stability: tests of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. **Biometrics**, v. 43, p. 45-53, 1987.

OLIVEIRA, A. C. **Comparação de alguns métodos de determinação da estabilidade em plantas cultivadas**. 1976. 64f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) - Universidade de Brasília, Brasília, 1976.

PERKINS, J. M.; JINKS, J. L. Environmental and genotype-environmental components of variability. IV. Non-linear interactions for multiple inbred lines. **Heredity**, Edinburgh, v. 23, p. 525-35, 1968.

PLAISTED, R. L.; PETERSON, L. C. 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, 1959.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamias**. Goiânia: UFG, 1993. 272 p.

ROCHA, M. M. **Seleção de linhagens experimentais de soja para adaptabilidade e estabilidade fenotípica**. 2002. 184f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Universidade de São Paulo, Piracicaba. 2002.

ROSSE, L. N.; VENCOVSKY, R. Modelo de regressão não-linear aplicado ao estudo da estabilidade fenotípica de genótipos de feijão no Estado do Paraná. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n. 1, p. 99-107, 2000.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; MCCULLOCH, C. E. **Variance components**, New York: John Wiley & Sons, 1992. 501p.

SEYEDSADR, M.; CORNELIUS, P. L. Shifted multiplicative models for nonadditive two-way tables. *Commun. Stat. B Simul. Comp.* v. 21 p. 807-832, 1992.

SHUKLA, G. K. Some statistical aspects of partitioning genotype-environment components of variability. **Heredity**, Edinburgh, v. 29, n. 2, p. 237-45, 1972.

SILVA, J. G. C.; BARRETO, J. N. Aplicação da regressão linear segmentada em estudos da interação genótipo por ambiente. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 1., 1985, Piracicaba. **Anais...** Campinas: Fundação Cargill, 1985. p. 49-50.

SILVA, J. G. C.; BARRETO, J. N. An application of segmented linear regression to the study of genotypes environment interaction. **Biometric**, v. 41, n. 4, p. 1093, 1986.

SILVA, J. G. C. Análise de adaptabilidade por regressão segmentada com estimação da junção dos segmentos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 7, p. 1013-1029, 1998.

SMITH, R. R.; BYTH, D. E.; CALDWELL, B. E.; WEBER, C. R. Phenotypic stability in soybean populations. **Crop Science**, Madison, v. 7, p. 590-592, 1967.

STORCK, L.; VENCOSKY, R. Stability analysis based on a bi-segmented discontinuous model with measurement errors in the variables. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 17, n. 1, p. 75-81, 1994.

TAI, G. C. C. Genotypic stability analysis and its application to potato trials. **Crop Science**, Madison, v. 11, n. 2, p. 184-90, 1971.

TOLER, J. E.; BURROWS, P. M. Genotypic performance over environmental arrays: a non-linear grouping protocol. **Journal of Applied Statistics**, Abingdon, v. 25, n. 1, p. 131-143, 1998.

VERMA, M. M.; CHAHAL, G. S.; MURTY, B. R. Limitations of conventional regression analysis, a proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 53, n. 1, p. 89-91, 1978.

WRICKE, G. Zur berechnung der okovalenz bei sommerweizen und hafer. **Pflanzenzuchtung**, Berlin, v. 52, p. 127-138, 1965.

YAU, S. K. Regression and AMMI analyses of genotype-environment interations: an empirical comparison. **Agronomy Journal**, v. 87, p. 121-126, 1995.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH Jr., H. G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, v. 80, p. 388-393, 1988.

CAPÍTULO 2 – TESTES MULTI-AMBIENTAIS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE ARROZ UTILIZANDO O MODELO SREG

RESUMO – A interação genótipo x ambiente é uma das principais dificuldades encontradas pelos melhoristas durante o processo de seleção, podendo inflacionar as estimativas da variância genética. Interações positivas associadas às características previsíveis do ambiente oferecem a oportunidade de obtenção de produtividades mais elevadas, sendo necessário o uso de métodos estatísticos capazes de captar esse tipo de informação. O objetivo deste trabalho foi analisar a produtividade e estabilidade de doze genótipos de arroz, em oito locais (quatro locais no ano 2005 e quatro no ano 2006), na Colômbia. O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso com quatro repetições. Os parâmetros de estabilidade fenotípica e o agrupamento dos ambientes foram estimados pelo estudo da interação genótipo x ambiente, segundo o método SREG (Regressão nos sítios ou locais) e seu gráfico biplot (GGE). As análises estatísticas indicaram diferenças significativas ($p \leq 0,01$) entre genótipos e entre ambientes e significância ($p \leq 0,01$) da interação genótipo x ambiente, sugerindo uma resposta diferente dos genótipos nos vários ambientes. No método SREG, os dois primeiros componentes principais da interação explicaram 75,29% da interação. Os genótipos 400094, 350361 e a variedade Fedearroz 50 foram considerados os de maior produtividade. Segundo o gráfico biplot GGE as localidades La Libertad e Escobal, foram os ambientes mais favoráveis para o cultivo do arroz.

Palavras-chave: Adaptabilidade fenotípica, gráfico GGE biplot, modelo linear-bilinear.

1. INTRODUÇÃO

A interação genótipo x ambiente (IGA) deve-se a diferentes respostas dos genótipos nos ambientes de avaliação. Este fenômeno é preocupante para os melhoristas de plantas, especialmente quando seu efeito é grande, dificultando a seleção e recomendação de genótipos estáveis, tornando lentos os avanços na seleção (DELACY et al., 1996). COUTINHO-ESTRADA & VIDAL-MARTINEZ (2003) relataram que com metodologias apropriadas de estatística e de melhoramento é possível entender as causas da IGA.

A seleção de fenótipos e populações com boa adaptação e alta produtividade, em vários ambientes, é um dos objetivos básicos do melhoramento de plantas. Entretanto, esta seleção é afetada pela presença da IGA, resultando em comportamento variável dos genótipos cultivados sob diferentes condições ambientais. Atualmente existem dezenas de metodologias destinadas à avaliação de um grupo de genótipos numa série de ambientes. Segundo CRUZ et al. (2004), a escolha de um método depende dos dados experimentais, especialmente do número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e do tipo de informação desejada. Além disso, os autores consideram que existem métodos alternativos, enquanto outros são complementares, podendo ser utilizados conjuntamente.

Uma das metodologias utilizadas na avaliação da IGA é aquela baseada em análise multiplicativa, que utiliza os efeitos aditivos e multiplicativos, permitindo predições mais precisas da variável em estudo. A análise multiplicativa explora a resposta dos genótipos em ambientes específicos, descrevendo a IGA de uma forma mais criteriosa (EMBRAPA, 2004).

O modelo SREG, que utiliza o gráfico conhecido como GGE (do inglês "Genotype-Genotype Environment"), foi proposto para explorar as respostas dos genótipos a ambientes específicos (CASTILLO et al., 2005). O modelo multiplicativo SREG é semelhante ao modelo multiplicativo AMMI, com a diferença de que os efeitos principais dos genótipos são considerados junto com o efeito da interação genótipo x ambiente, que no AMMI são estimados como efeitos aditivos (YAN et al., 2000;

BURGUEÑO et al., 2003). Uma vantagem dos métodos multiplicativos é o agrupamento de ambientes e genótipos semelhantes, permitindo também identificar graficamente o genótipo com maior potencial em cada subgrupo de ambientes, mediante o chamado gráfico “biplot”, o qual é altamente descritivo, como foi destacado por ZOBEL et al. (1988), CROSSA (1990), CROSSA et al. (1991, 2005, 2006), YAN et al. (2001), YAN & KANG (2002), ROSBACO et al. (2004), CARTILLO et al. (2005) e GORDON-MENDOZA et al. (2006).

O gráfico “GGE biplot” visualiza três aspectos importantes: (i) a relação genótipo x ambiente, permitindo o agrupamento de genótipos e ambientes com comportamentos semelhantes, mostrando o genótipo com maior potencial e sua identificação em cada subgrupo de ambientes (mega-ambientes); (ii) a inter-relação entre ambientes, facilitando a identificação do melhor ambiente na avaliação das cultivares e indicando qual ambiente pode ser menos favorável; e (iii) a inter-relação entre genótipos, facilitando a comparação dos genótipos e do ordenamento (“ranking”) para os parâmetros de rendimento e estabilidade (YAN, 2002).

Neste contexto, o presente trabalho teve como objetivos: (i) estudar a interação genótipo x ambiente pelos padrões de respostas de doze genótipos de arroz, em quatro ambientes durante o ano 2005 e quatro ambientes no ano 2006, na Colômbia, utilizando o modelo SREG; (ii) determinar visualmente as variações na produtividade nos diferentes ambientes, com base no gráfico biplot e (iii) selecionar os genótipos para alta produção e estabilidade, segundo as respostas nos ambientes.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram realizados oito experimentos no leste da Colômbia, nos estados de Meta (La libertad, arroz irrigado e Tanane, arroz de sequeiro), Tolima (Escobal, arroz irrigado) e Huila (Junca, arroz irrigado), avaliando assim, quatro ambientes no período de 2005, com repetição no ano de 2006. As informações das características climáticas dos locais estão apresentadas na Tabela 1. A variável resposta foi a produtividade de grãos (Kg ha^{-1}) de oito genótipos de arroz, da empresa SEMILLANO Ltda. (350356, 350361, 350405, 350406, 350411, 400090, 400094 e 400099), e quatro cultivares comerciais utilizadas como testemunhas (Bonanza 6-30, Fedearroz 50, Fortaleza 5-30 e Progreso 4-25), totalizando 12 genótipos avaliados.

Tabela 1. Coordenadas geográficas e altitudes das localidades de condução dos experimentos na Colômbia.

Localidade (Estado)	Coordenadas geográficas		
	Latitude		Altitude (m)
La Liberad (Meta)	4°03'34,9" N	73°23'37,3" W	326
Tanané (Meta)	4°03'16,4" N	73°27'30,9" W	329
Escobal (Tolima)	4°24'10,8" N	75°07'1,67" W	848
Juncal (Huila)	3°02'40,5" N	75°17'18,5" W	521

Em cada localidade utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições. A unidade experimental foi constituída de 20 linhas de 5 m de comprimento, 0,25 m de espaçamento entre linhas e uma densidade de 20 g de semente por linha. As práticas culturais adotadas foram as usuais da cultura segundo o local, sendo os experimentos estabelecidos na época ótima do ano para cada localidade. Realizou-se a análise de variância individual para cada experimento e, posteriormente, a análise conjunta dos ambientes, com a finalidade de determinar a significância da interação genótipo x ambiente.

Para a análise do modelo SREG, foi utilizado o programa SAS com os procedimentos GLM (SAS, 2004a) para calcular a interação genótipo x ambiente, o IML (SAS, 2004b) para a decomposição dos valores singulares, além do GPLOT (SAS, 2004c) para obter os gráficos biplot.

No modelo SREG, os efeitos de genótipo e da interação genótipo x ambiente são agrupados e re-expressados como uma soma de efeitos bilineares (multiplicativo). Uma forma de expressar o mesmo conceito é utilizando a notação GGE.

Segundo CORNELIUS et al. (1996), o modelo linear-bilinear de regressão SREG (Regressão nos sítios ou locais), utilizado neste estudo, é representado da seguinte forma:

$$\bar{Y}_{ij} = \underbrace{\mu_j}_{\text{aditiva}} + \underbrace{(ga)_{ij}}_{\text{multiplicativa}} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

$$\underbrace{\sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk}}_{\sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \sum_{k=n+1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk}}$$

$$\bar{Y}_{ij} = \mu_j + \left(\sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} \right) + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

em que:

\bar{Y}_{ij} é a média de produtividade de grãos do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente;

μ_j é a média do j-ésimo ambiente;

λ_k é a raiz quadrada do k-ésimo autovalor λ_k^2 das matrizes $(GE)(GE)'$ ou $(GE)'(GE)$;

k é o número de componentes principais, $k = 1, 2, 3, \dots, p$, chamados de efeitos primários, secundários, terciários, ...;

γ_{ik} e α_{jk} são os i-ésimos e j-ésimos componentes dos autovetores coluna e linha respectivamente, correspondentes aos autovalores λ_k^2 (não nulos) da matriz $(GE)(GE)'$ ou $(GE)'(GE)$;

ρ_{ij} é o resíduo da interação genótipo x ambiente, também conhecido por 'ruído', correspondente aos $p - n$ componentes principais não retidos no modelo;

n é o número de componentes principais retidos no modelo;

p é o número total de componentes presentes no modelo, obtido como $\min(g-1, a-1)$;

$\bar{\varepsilon}_{ij}$ é o residual do modelo com distribuição normal, com média zero e variância σ^2/r (onde σ^2 é a variância do erro entre parcelas para cada ambiente e r é o número de repetições).

CROSSA et al. (2005) destacaram que no modelo SREG, os parâmetros de interação γ_{ik} e α_{jk} , indicam o comportamento dos genótipos e ambientes, respectivamente, e quando $(\gamma_{i1}, \gamma_{i2})$ e $(\alpha_{j1}, \alpha_{j2})$ são colocados juntos num biplot (GABRIEL, 1978), é possível obter uma boa interpretação da relação entre os genótipos, ambientes e a interação genótipo x ambiente.

O gráfico biplot é construído a partir dos dados da decomposição das médias empíricas, apresentando graficamente qual é o genótipo com melhor desenvolvimento (YAN et al., 2001). Para analisar as respostas, é feito um polígono unindo os pontos dos genótipos mais afastados da origem em cada quadrante, sendo que todos os outros genótipos estarão incluídos dentro do polígono formado. Posteriormente, é traçada uma perpendicular para cada lado do polígono com relação à origem e, assim, os ambientes e genótipos são separados em setores. Os genótipos em cada setor são os que apresentam o melhor desenvolvimento nos ambientes incluídos naquele setor.

As interpretações do gráfico “biplot” são feitas segundo a direção e longitude dos vetores. As médias empíricas para os genótipos (\bar{Y}_{ij}) são explicadas pelos efeitos primários bilineares (γ_{ik}) referentes aos genótipos, no seguinte sentido: no gráfico biplot, quando o componente principal CP_1 está perto de 1, os genótipos apresentam médias altas, e se o segundo componente principal CP_2 está próximo de zero os genótipos são considerados como mais estáveis e ideais.

O gráfico biplot também pode indicar a existência de um ambiente ideal, dado por aquele que tem, no primeiro componente principal CP_1 um valor próximo de 1, apresentando alta capacidade para discriminar os genótipos. Além disso, se o segundo componente principal CP_2 for próximo de zero, isso indica que o ambiente proporciona a maior produtividade média.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise de variância conjunta (Tabela 2), pode-se observar que existem diferenças altamente significativas ($p \leq 0,01$) entre os genótipos, ambientes, bem como a existência da interação genótipo x ambiente. O coeficiente de variação obtido foi de 11,47% sendo considerado aceitável para a cultura do arroz.

Tabela 2. Análise de variância conjunta para a variável produção de arroz (Kg. ha^{-1}) de 12 genótipos em quatro ambientes no ano 2005 e quatro em 2006, na Colômbia, explicação e porcentagem acumulada dos componentes principais (CP) da interação genótipo x ambiente obtidos no modelo SREG.

Fonte de variação	GL	Soma de quadrados	Quadrado médio	Explicação (%)	Porcentagem acumulada
Rep.(ambiente)	24	13281428,0	553335,28 ^{ns}	1,24	
Ambiente (A)	7	777293009,7	111041016 ^{**}	72,35	
Genótipo (G)	11	105290924,7	9571752 ^{**}	9,8	
G x A	77	178432489,5	2317266 ^{**}	16,61	
Interação CP ₁				57,19	57,19
Interação CP ₂				18,10	75,29
Interação CP ₃				11,14	86,43
Interação CP ₄				7,16	93,59
Interação CP ₅				3,89	97,49
Interação CP ₆				1,33	98,81
Interação CP ₇				1,18	100,00
Erro	264	95101384	360236		
CV = 11,47%					

^{ns} Não significativo segundo o teste F.

^{**} Altamente significativo (1% de probabilidade) pelo teste F.

CV = coeficiente de variação.

Pela análise de variância pode-se também observar que 72,35% do total da soma de quadrados foi atribuída a efeitos ambientais, 9,8% é atribuído aos efeitos de genótipos e 16,61% a efeitos da interação genótipo x ambiente. A maior porcentagem do efeito da interação com relação ao efeito de genótipos, sugere ser grande a importância da interação genótipo x ambiente neste estudo. Esses resultados concordam com o trabalho de YAN (2002), no qual o autor descreve que as variações na produtividade de genótipos em diferentes ambientes acontecem principalmente por efeitos ambientais, as quais geralmente explicam 80% ou mais do total das variações

na produção, sendo os efeitos genéticos e de interação usualmente menores. Embora esses efeitos genéticos e de interação sejam importantes na avaliação dos genótipos, os mesmos devem ser considerados juntos na seleção dos genótipos.

As análises da IGA, obtidas em SREG, indicaram que dos 7 componentes principais obtidos neste estudo, o primeiro componente principal (CP_1) é responsável por 57,19% da interação e o segundo componente principal (CP_2) explica 18,10% do efeito da interação. Desta forma, os acumulados dos CP_1 e CP_2 explicam 75,29% do total do efeito da IGA. Assim, pode-se sugerir que os dois primeiros componentes principais da interação são considerados como a parte expressiva da interação. Essa observação dos dois primeiros componentes principais concorda com os estudos feitos por GAUCH (1988), nos quais o autor afirma que, geralmente, o verdadeiro valor da variabilidade é capturado nos dois primeiros componentes empíricos da Decomposição de Valores Singulares (DVS), dado que os últimos componentes empíricos praticamente são constituídos por um erro dentro da interação denominado “ruído”. Os dois primeiros componentes da DVS são exibidos no gráfico biplot GGE e eles capturam uma maior proporção do valor real da expressão dos genótipos e sua interação com os ambientes.

O número de componentes explicativos do modelo SREG não pode ser especificado sem realizar primeiro uma avaliação dos dados obtidos. Fatores como o cultivo, diversidade do germoplasma e as diferentes condições ambientais podem afetar o grau de complexidade dos melhores modelos previsíveis (CROSSA et al., 2006).

Os valores do SREG dos 12 genótipos, nos oito ambientes, apresentaram diferentes padrões de interação. Segundo os valores dos dois primeiros componentes principais (CP_1 e CP_2), os genótipos 400094 e Fedearroz 50 foram os que apresentaram as melhores respostas às condições ambientais prevalentes durante o desenvolvimento do cultivo, sendo também os de maiores produtividades (Tabela 3).

Ainda na Tabela 3, como se pode observar, os valores da produtividade média indicam, na ordem decrescente, que Juncal, Escobal e La Libertad são localidades onde a cultura apresentou maiores produtividades.

Tabela 3. Valores dos Componentes Principais (CP) no SREG, para a variável produtividade de arroz de 12 genótipos em oito ambientes avaliados durante os anos 2005 e 2006 na Colômbia.

Genótipos	Produt. (Kg/ha)	Valores CP ₁	Valores CP ₂
Bonanza 6-30	5245,6	0,1392	-0,4861
Fedearroz 50	6171,4	10,000	0,1014
Fortaleza 5-30	5541,6	0,2550	0,7449
Progreso 4-25	5184,3	0,0257	-0,6109
350356	4435,5	-0,8547	0,2421
350361	5578,5	0,5390	-0,3941
350405	4384,5	-0,7013	-0,5222
350406	5113,1	-0,3597	0,4496
350411	5141,7	0,0140	0,3843
400090	4831,3	-0,4999	0,0123
400094	6033,6	<u>0,7239</u>	<u>0,0295</u>
400099	5124,6	-0,2814	0,0488

Localidade / ano	Produt. (Kg/ha)	Valores CP ₁	Valores CP ₂
Tanane/2005	4270,3	0,4434	-0,5809
Escobal/2005	3288,6	0,9945	0,1735
Juncal/2005	7417,8	0,8475	0,0395
La Libertad/2005	5454,6	0,7588	0,4574
Tanane/2006	4053,0	0,5050	0,6528
Escobal/2006	7340,6	0,1253	0,6379
Juncal/2006	5622,4	-0,3351	0,2262
La Libertad/2006	4409,8	0,8473	-0,7429

Para um maior entendimento do efeito da interação genótipo x ambiente, YAN et al. (2000) utilizaram um gráfico biplot GGE feito com os valores de CP₁ e CP₂, no qual é construído um polígono com base nos genótipos que estão localizados nos pontos mais afastados da figura. Neste estudo, o gráfico biplot GGE mostrou que os genótipos Fedearroz 50 (Fe), Fortaleza 5-30(Fo), 350406 (406), 350356 (356), 350405 (405), 350361 (361), Progreso 4-25(Po) e Bonanza 6-30(Bo) foram os pontos extremos que dão a conformação do polígono (Figura 1).

Traçando-se linhas perpendiculares às arestas deste polígono, obtém-se pseudo-eixos (raios) com os quais pode-se determinar mega-ambientes. Assim, no gráfico “biplot” GGE são observados 6 mega-ambientes, dos quais só dois são

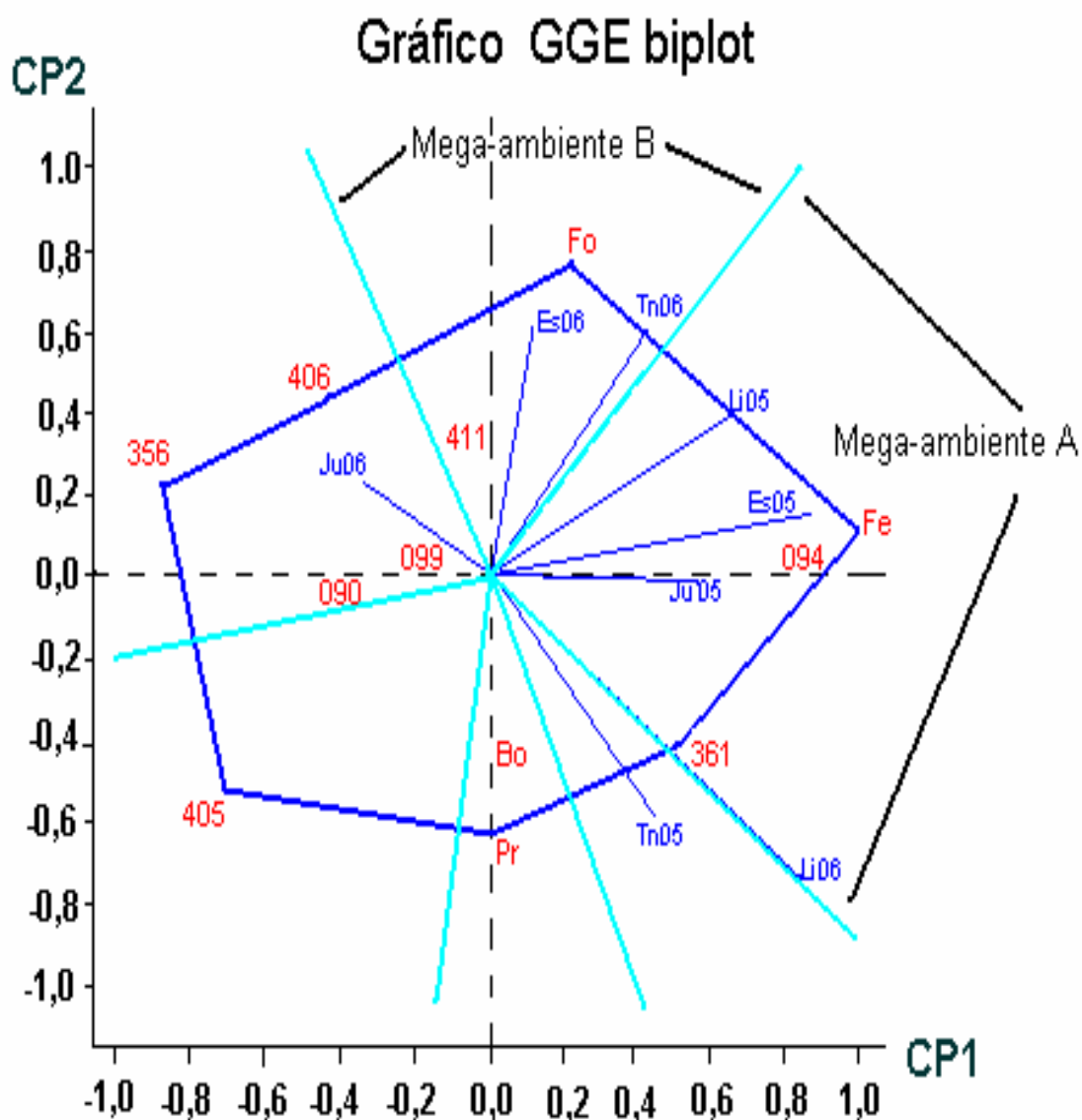
considerados de importância para essa cultura. O primeiro deles, denominado mega-ambiente A, é considerado como o mais adequado, pois nele estão incluídos os genótipos mais produtivos e estáveis, além dos ambientes com maior produtividade média. Este mega-ambiente é formado pelos genótipos 400094 (094), 350361 (361) e Fedearroz 50(Fe). O segundo melhor, denominado mega-ambiente B, é formado pelos genótipos 350411 (411) e Fortaleza 5-30 (Fo).

Além disso, no gráfico “biplot” GGE pode-se observar que o ambiente La Libertad (Li05 e Li06) foi o local que sempre esteve presente no mega-ambiente A durante os anos 2005 e 2006, sendo por isso considerado um ambiente com pouca variação climática durante os dois anos estudados.

Os outros locais presentes no mega-ambiente A, durante o ano 2005, foram Juncal (Ju05) e Escobal (Es05). As localidades do mega-ambiente A são consideradas as mais adequadas, dado que são os ambientes onde os genótipos de arroz apresentaram as maiores produtividades. O mega-ambiente B é considerado o segundo melhor, formado pelas localidades de Escobal (Es06) e Tanane (Tn06), durante o ano 2006.

Desta forma pode-se considerar que o gráfico biplot GGE é útil para a interpretação dos dados obtidos no modelo SREG, permitindo selecionar os genótipos mais estáveis e seus respectivos comportamentos nos diferentes ambientes, além de indicar os ambientes mais favoráveis ao cultivo. Tais observações concordam com os trabalhos de YAN et al. (2001), YAN (2002), CASTILLO et al. (2005) e CROSSA et al. (2005) entre outros.

Figura 1. Valores do primeiro e segundo Componentes Principais (CP) dos 12 genótipos de arroz correspondentes a oito genótipos e quatro cultivares comerciais em quatro ambientes no ano 2005 e quatro no 2006, na Colômbia, num gráfico biplot (GGE).



Genótipos de arroz identificados como: 350356(356), 350361(361), 350405(405), 350406(406), 350411(411), 400090(090), 400094(094), 400099(099) e cultivares comerciais Bonanza 6-30 (Bo), Fedearroz 50 (Fe), Fortaleza 5-30 (Fo) e Progreso 4-25 (Pr), nos oito ambientes La Libertad (Li05) e (Li06); Tanane (Tn05) e (Tn06); Escobal (Es05) e (Es06); Juncal (Jn05) e (Jn06)

4. CONCLUSÕES

O método SREG permitiu uma identificação segura dos genótipos a serem cultivados nos ambientes avaliados, ajudando na recomendação dos melhores genótipos para os ambientes em questão.

Foi possível a discriminação de dois mega-ambientes importantes pelo método biplot GGE, onde os genótipos Fedearroz 50 (Fe), 400094 (094) e 350361 (361) foram os mais recomendáveis para o mega-ambiente A. No mega-ambiente B, o genótipo recomendado foi Fortaleza 5-30

Identificou-se ambientes com pequenas variações ambientais, sendo La Libertad, seguido de Escobal, os mais favoráveis para o cultivo de arroz.

5. REFERÊNCIAS

BURGUEÑO, J. J.; CROSSA, J.; VARGAS, M. Graphing GE and GGE Biplot. In: KANG, M.S. (Ed.) **Handbook of formulas and software for plant geneticists and breeders**. New York: Food Products Press, 2003. p. 193-203.

CASTILLO, H. L.; SÁNCHEZ, F. R.; VALDÉS, H. R.; GARDUÑO, D. S.; ZAMBRANO, G. M.; CADENA, R. C.; CÁRDENAS, J. D. F. Potencial de rendimiento y estabilidad de combinaciones germoplásmicas formadas entre grupos de maíz. **Revista fitotecnia Mexicana**, v. 28, n. 2, p. 135-143, 2005.

CORNELIUS, P. L.; CROSSA, J.; SEYEDSADR, M. S. Statistical test and estimator of multiplicative model for genotype-by-environment interaction. In: KANG, M. S.; GAUCH Jr, H.G. (Ed.). **Genotype-by-Environment Interaction**. New York: Washington D.C. 1996. p. 199-234.

COUTINHO-ESTRADA, B.; VIDAL-MARTINEZ, V. A. Estabilidad del rendimiento de grano de híbridos de maiz usando mejores predictores lineares insesgados. **Agrociencia**, v. 37, p. 605-616, 2003.

CROSSA, J. Statistical analysis of multi location trials. **Advances in Agronomy**, v. 44, p. 55-85, 1990.

CROSSA, J.; FOX, P. N.; PFEIFFER, W. H.; RAJARAM, S.; GAUCH Jr, H.G. AMMI adjustment for statistical analysis of an international wheat yield trial. **Theoric Application in Genetic**, v. 81, p. 27-37, 1991.

CROSSA, J.; BURGUEÑO, J.; AUTRAN, D.; VIELLE-CALZADA, J.; CORNELIUS, P. L.; GARCIA, N.; SALAMANCA, F.; ARENAS, D. Using linear-bilinear model for studying gene expression x treatment interaction in microarray experiments. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics**. v. 10, n. 3, p. 337-353, 2005.

CROSSA, J.; BURGUEÑO, J.; CORNELIUS, P. L.; McLAREN, G.; TRETOWAN, R.; KRISHNAMACHARI, A. Modeling Genotype x Environment Interaction Using Additive Genetic Covariances of Relatives for Predicting Breeding Values of Wheat Genotypes. **Crop Science**, v. 46, p. 1722-1733, 2006.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2004. 480 p.

DeLACY, I. H.; COOPER, M.; BASFORD, K. E. Relationships among analytical methods used to study genotype-by-environment interactions and evaluation of their impact on response to selection. In: KANG, M. S.; GAUCH Jr., H. G. (Ed.). **Genotype by environment interaction**. New York: Washington D.C, 1996. p. 51-84.

EMBRAPA FLORESTAS. **Modelagem AMMI para estudos de interação em modelos estatísticos de efeitos fixos**. Dourados: Embrapa Florestas, 2004. 7p. (Comunicado Técnico, 124)Disponível em: http://www.cnpf.embrapa.br/publica/comuntec/edicoes/com_tec124.pdf. Acesso em: 13/06/2007.

GABRIEL, K. R. Least Square Approximation of Matrices by Additive and Multiplicative Models. **Journal of the Royal Statistical Society, Series B**, v. 40, p. 186-196, 1978.

GAUCH Jr., H.G. Model selection and validation for yield trials with interaction. **Biometrics**, v. 44, p. 705-715, 1988.

GORDÓN-MENDOZA, R.; CAMARGO-BUITRAGO, I.; FRANCO-BARRERA, J.; GONZÁLEZ-SAAVEDRA, A. Evaluación de la Adaptabilidad y Estabilidad de 14 Híbridos de Maíz, Azuero, Panamá. **Agronomía Mesoamericana**, v. 17, n. 2, p. 189-199, 2006.

ROSBACO, I.; BISARO, V.; ROMAGNOLI, M.; MARTIGNONE, R. Métodos estadísticos para la caracterización de ambientes climáticos y evolución de respuestas de cultivares de soja. **Revista de Investigaciones de la Facultad de Ciencias Agrarias**, UNR, n. 6, 2004.

SAS INSTITUTE. **SAS OnlineDoc® 9.1.3**. SAS/STAT. Cary, 2004a.

SAS INSTITUTE. **SAS OnlineDoc® 9.1.3**. SAS/IML. Cary, 2004b.

SAS INSTITUTE. **SAS OnlineDoc® 9.1.3**. SAS/GRAPH. Cary, 2004c.

YAN, W. Singular Value Partitioning in Biplot Analysis of Multi-environment Trial Data. **Agronomy Journal** v. 94, p. 990-996, 2002.

YAN, W.; KANG, M. **GGE biplot analysis**: a graphical tool for breeder, geneticists, and agronomists. New York: Washington, 2002. 271p.

YAN, W.; RAJCAN, I. Biplot Analyses of Test Sites and Trait Relation of Soybeans in Onotario. **Crop Science** v. 42, p. 11-20, 2002.

YAN, W.L.; HUNT, A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega environment investigation based on the GGE Biplot. **Crop Science**, v. 40, p. 597-605, 2000.

YAN, W.; CORNELIUS, P. L.; CROSSA, J.; HUNT, L. A. Two Types of GGE Biplot for Analyzing Multi-Environment Trial Data. **Crop Science**, v. 41, p. 656-663, 2001.

ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH, H.G.Jr. Statistical Analysis of a Yield Trial. **Agronomy Journal**, v. 80, p. 388-393, 1988.

CAPÍTULO 3 – ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE ARROZ NA COLÔMBIA.

RESUMO – O objetivo deste trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica de 12 genótipos de arroz sob condições de solos com e sem inundação, visando a seleção de genótipos com adaptação ampla ou específica, sendo utilizados os dados de produtividade de grãos de tais genótipos. Oito experimentos foram conduzidos nos estados de Meta, Tolima e Huila, localizados na região leste da Colômbia, durante os anos de 2005 e 2006. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com quatro repetições. Para a avaliação da adaptabilidade e estabilidade, utilizou-se os métodos de EBERHART & RUSSELL (1966) e ANNICCHIARICO (1992). A análise de variância revelou a existência da interação genótipo x ambiente. As duas metodologias revelaram resultados semelhantes. O genótipo 400094 foi considerado adaptável e estável, em ambas metodologias, sendo o genótipo a ser recomendado para o agricultor nas duas condições de cultivo avaliadas.

Palavras-Chave: Annicchiarico, Eberhart & Russell, interação genótipo x ambiente.

1. INTRODUÇÃO

Entre os cereais existentes ou conhecidos, o arroz oferece a possibilidade de solucionar mais rapidamente um déficit de produção agrícola na alimentação das pessoas. Setenta e cinco por cento da população mundial inclui o arroz na sua alimentação diária, podendo superar em alguns casos o consumo de outros cereais como o milho (BERNIS & PAMIES, 2006).

O arroz tem a particularidade de ser cultivado em solos inundados ou não inundados, característica que é tradicionalmente considerada no processo de melhoramento de plantas, obtendo-se variedades para cada um destes ambientes. Assim, a avaliação da adaptabilidade e estabilidade fenotípica na cultura do arroz constitui-se numa das etapas mais difíceis nos programas de melhoramento genético, antecedendo à recomendação de novas cultivares. Tal fato ocorre devido a exigências de condução de experimentos numa grande quantidade de ambientes de cultivo.

Para o melhorista de plantas é importante conhecer a magnitude da interação genótipo x ambiente, com a finalidade de escolher as estratégias de melhoramento que permitam diminuir o impacto desta interação (JENSEN, 1988). Na fase final de melhoramento genético, realizam-se análises de adaptabilidade e estabilidade, pelas quais é possível identificar cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivas às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (CRUZ & REGAZZI, 1997). Existem diversas metodologias para a análise de adaptabilidade e estabilidade, destinadas à avaliação de um grupo de genótipos testados numa série de ambientes. A escolha de um método de análise depende dos dados experimentais, do

número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e do tipo de informação desejada (CRUZ & REGAZZI, 1997). Existem métodos que são alternativos, enquanto outros são complementares, podendo ser utilizados de forma conjunta.

CRUZ & CARNEIRO (2003) especificam diferentes terminologias de adaptabilidade e estabilidade, e dentro destas estão as definições de MARIOTTI et al. (1976), que define o termo adaptabilidade como a capacidade dos genótipos responderem vantajosamente à melhoria do ambiente, e a estabilidade como a capacidade dos genótipos apresentarem comportamento altamente previsível em função das variações ambientais.

Entre os métodos de estimação da adaptabilidade e estabilidade, destaca-se a metodologia de EBERHART & RUSSELL (1966) pela simplicidade dos cálculos e informações fornecidas (VERONESI, 1995; SILVA & DUARTE, 2006). Esta metodologia baseia-se na análise de regressão linear, que mede a resposta de cada genótipo às variações ambientais. Para cada genótipo, em cada ambiente, é computada uma regressão linear simples da variável resposta (ex: produção de grãos ou frutos), em relação a um índice ambiental, obtido pela diferença entre a média de cada ambiente e a média geral.

Embora os métodos baseados na regressão linear sejam muito utilizados, os mesmos apresentam algumas limitações, entre as quais se destaca o uso da média de todas as cultivares em cada condição como medida do índice ambiental, o qual faz com que não se tenha independência entre o rendimento e o índice ambiental, cuja consequência direta é a não validade dos testes de hipóteses (SHUKLA, 1972). Esta

limitação pode ser contornada avaliando-se um número grande de cultivares e ambientes (CRUZ & REGAZZI, 1997).

Por sua vez, o método proposto por ANNICCHIARICO (1992) determina que a estabilidade é avaliada pela superioridade de um genótipo em relação à média de cada ambiente (CRUZ & CARNEIRO, 2003). O desempenho do genótipo e sua estabilidade são determinados nesta metodologia com base num índice de confiança ou índice de recomendação, de tal forma que, os maiores valores do índice (ω_i) são obtidos para aqueles genótipos que tem uma maior média porcentual (\hat{Z}_i) e menor desvio (σ_{zi}). Autores como ATROCH et al. (2000) e SILVA & DUARTE (2006) recomendam a utilização desta metodologia pela facilidade de interpretação.

Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade de doze genótipos de arroz avaliados em oito ambientes, além de comparar as metodologias de EBERHART & RUSSELL (1966) e ANNICCHIARICO (1992).

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram conduzidos oito experimentos na Colômbia nos estados de Meta (La Libertad, arroz irrigado, e Tanane, arroz de sequeiro), Tolima (Escobal, arroz irrigado) e Huila (Junca, arroz irrigado), onde foram avaliados quatro ambientes no ano agrícola de 2005, sendo os mesmos repetidos em 2006. As informações das coordenadas geográficas das localidades estão apresentadas na Tabela 1. Avaliou-se a produtividade de grãos (Kg. ha^{-1}) de oito genótipos de arroz, da empresa SEMILLANO Ltda. (350356, 350361, 350405, 350406, 350411, 400090, 400094 e 400099) e de quatro cultivares comerciais utilizadas como testemunhas (Bonanza 6-30, Fedearroz 50, Fortaleza 5-30 e Progreso 4-25), totalizando 12 genótipos avaliados.

Tabela 1. Coordenadas geográficas e altitude das localidades de condução dos experimentos na Colômbia.

Localidade (Estado)	Coordenadas geográficas	Altitude (m)
La Liberad (Meta)	4°03'34,9" N 73°23'37,3" W	326
Tanané (Meta)	4°03'16,4" N 73°27'30,9" W	329
Escobal (Tolima)	4°24'10,8" N 75°07'1,67" W	848
Juncal (Huila)	3°02'40,5" N 75°17'18,5" W	521

Em cada experimento, utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições. A unidade experimental foi constituída por 20 linhas de 5 m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 0,25 m, e densidade de 20 gramas de semente por linha. As práticas culturais adotadas foram as usuais da cultura de acordo com o local e estes experimentos foram conduzidos na época ideal para cada localidade.

Realizou-se análise de variância individual para cada experimento e, posteriormente, a análise conjunta das localidades, considerando genótipo como efeito fixo e ambiente como aleatório com a finalidade de determinar a significância da interação genótipo x ambiente. Na análise individual as médias dos genótipos foram comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Logo após, procedeu-se às análises de adaptabilidade e estabilidade pelas metodologias de EBERHART & RUSSELL (1966) e ANNICCHIARICO (1992), utilizando-se o programa GENES (CRUZ, 2001).

A estatística que descreve a estabilidade e a adaptabilidade de um genótipo, no método de EBERHART & RUSSELL (1966), utiliza a produtividade média dos genótipos (β_{0i}); o seu coeficiente de regressão (β_{1i}), que mede a resposta do genótipo à variação do ambiente, e a variância dos desvios dessa regressão (δ_{ij}), obtida a partir do modelo (CRUZ & REGAZZI, 1997):

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$$

onde:

Y_{ij} : média do genótipo i no ambiente j;

β_{0i} : média geral do genótipo i;

β_{1i} : coeficiente de regressão linear, que é uma medida de resposta do i-ésimo genótipo à variação do ambiente;

I_j : índice ambiental codificado $\left[\sum_{j=1} I_j = 0 \right]$;

δ_{ij} : desvio da regressão;

$\bar{\epsilon}_{ij}$: erro experimental médio;

Para cada genótipo realizou-se uma análise de regressão, utilizando-se o índice ambiental como variável independente e a produtividade dos genótipos como variável dependente. Segundo o método proposto por EBERHART & RUSSELL (1966), o efeito do ambiente pode ser desmembrado em dois componentes: um linear e outro não-linear. O coeficiente de regressão (β_{1i}) está associado ao componente linear, indicando a adaptabilidade do genótipo, ou seja, a capacidade de responder à melhoria do ambiente. Os desvios da regressão (δ_{ij}) estão associados ao componente não linear e indicam a estabilidade.

A medida de estabilidade proposta por ANNICCHIARICO (1992), baseada no índice de confiança (índice de recomendação), é calculada segundo CRUZ & CARNEIRO (2003) pelo seguinte modelo:

$$\omega_i = \mu_i - Z_{(1-\alpha)} \sigma_{zi}$$

onde:

ω_i : Índice de confiança (%);

μ_i : é a média percentual dos genótipos i ;

$Z_{(1-\alpha)}$: é o percentil da função de distribuição normal padrão, em que o coeficiente de confiança ou significância adotado foi 75%, isto é $\alpha = 0,25$;

σ_{zi} : é o desvio padrão dos valores percentuais Z_i associados ao i -ésimo genótipo.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Da análise de variância individual, foi feita a média de cada genótipo e observou-se que as produções dos genótipos Fedearroz 50 e 400094 foram as maiores sendo 6034 kg ha⁻¹ e 6171 kg ha⁻¹, respectivamente, não apresentando diferença significativa entre elas pelo teste de comparação múltipla de Scott-Knott (Tabela 2).

Tabela 2. Produtividade de grãos de genótipos de arroz (Kg ha⁻¹) em oito localidades, média geral (Kg ha⁻¹), coeficiente de variação (CV%), quadrado médio do erro (QMe), sistema do cultivo (SC) e índice ambiental (IA), nos anos 2005 e 2006, na Colômbia.

Genótipos*	Ambientes								Média
	Tanane/05	Escobal/05	Juncal/05	La Libertad/05	Tanane/06	Escobal/06	Juncal/06	La Libertad/06	
350356	3675 b	2715 b	5455 b	4145 c	3540 c	7564 a	5901 b	2488 c	4435 d
350361	5133 a	4381 d	8685 a	5132 b	4937 a	5990 b	5139 c	5230 a	5579 b
350405	3702 b	1599 e	7225 b	4253 c	2426 c	6220 b	5770 b	3881 b	4385 d
350406	3627 b	2461 d	6876 b	4856 b	5204 a	7660 a	6511 a	3709 b	5113 c
350411	3478 b	2741 d	8090 a	6377 a	4222 b	7460 a	5040 c	3724 b	5142 c
400090	4060 b	2767 d	6327 b	4314 c	4049 b	7250 a	6165 a	3717 b	4831 c
400094	5011 a	4903 a	8200 a	6323 a	4765 a	7670 a	5793 b	5602 a	<u>6034</u> a
400099	4022 b	2400 d	6884 b	5198 b	4186 b	7470 a	6397 a	4438 b	5125 c
Bonanza 6-30	5016 a	3265 c	6905 b	6257 a	2966 c	7150 a	5063 c	5343 a	5246 c
Fedearroz-50	4839 a	5220 a	8712 a	6497 a	5319 a	7897 a	4883 c	6003 a	<u>6171</u> a
Fortaleza 5-30	3593 b	3989 b	8255 a	7026 a	4077 b	8386 a	5578 c	3428 b	5542 b
Progreso 4-25	5086 a	3019 c	7397 b	5076 b	2944 c	7370 a	5229 c	5353 a	5184 c
Média	4270	3289	7418	5455	4053	7341	5622	4410	5232
CV(%)	9,60	8,78	14,52	9,93	17,48	7,45	6,91	10,74	
QMe	168011	83335	1160501	293418	502081	299487	150773	224234	
SC	Não irrigado	irrigado	irrigado	irrigado	Não irrigado	irrigado	irrigado	irrigado	
IA	-962	-1944	2186	222	-1179	2108	390	-822	

* Grupos de médias seguidas pela mesma letra não diferem pelo critério de Scott-Knott em nível de 5% de probabilidade.

Com relação às localidades envolvidas, pode-se observar que as condições mais favoráveis à cultura ocorreram em Juncal, a qual apresentou um índice ambiental positivo nos dois anos de estudo, sendo típico de um ambiente favorável, pois foi a

localidade onde os genótipos apresentaram a mais alta produtividade (Tabela 2). O contrário ocorreu na localidade de Tanane, onde o arroz foi semeado em sequeiro, sendo considerado o menos produtivo nos dois anos de estudo, conforme era esperado, apresentando índice ambiental negativo (-961 em 2005 e -1179 em 2006), caracterizando-se como um ambiente desfavorável para a cultura de arroz. Na localidade de Escobal, no ano 2005, houve um período de seca, diminuindo drasticamente a quantidade de água no cultivo do arroz e, por isso, a produtividade dessa localidade foi a menor de todas as localidades, com índice ambiental negativo (-1944). Entretanto, no ano 2006, quando a localidade apresentou a quantidade suficiente de água, observou-se uma alta produtividade média (731 Kg. ha⁻¹).

As diferenças entre locais possibilitam estudar os genótipos com adaptação ampla e específica, assim como a previsibilidade ou estabilidade do comportamento dos mesmos. A precisão do experimento, medida pelo coeficiente de variação, foi adequada ($\leq 17,48\%$).

A relação entre o maior e o menor quadrado médio do erro em cada ambiente (igual a 13,9) indica heterogeneidade das variâncias residuais entre os ambientes, sendo então necessário fazer o ajuste para se obter o nível máximo de aceitação, sendo este igual a 7, segundo CRUZ & REGAZZI, 1997, para obter homogeneidade entre as localidades. O ajuste foi feito no programa GENES, antes de se realizar a análise conjunta dos ambientes.

Os resultados da análise de variância conjunta revelaram diferenças significativas ($P \leq 0,01$) entre genótipos, mostrando que existe diferença entre os mesmos. O mesmo ocorreu para o efeito de ambientes, ou seja, ocorreu diferença entre

as localidades onde foi desenvolvida a pesquisa, dada por fatores climáticos, solo, etc, bem como a significância da interação genótipo x ambiente (Tabela 3). Essa interação indica que o desempenho dos genótipos não foi consistente nos locais avaliados e que a análise de adaptabilidade e estabilidade é adequada. Isto reflete as diferentes sensibilidades dos genótipos às diversas condições de ambientes encontradas, que neste estudo são as condições do solo, ano e localidade. Assim, torna-se importante a identificação de genótipos com comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais. O coeficiente de variação foi de 11,47%, indicando precisão experimental dentro dos padrões aceitáveis para a cultura do arroz.

Tabela 3. Análise de Variância conjunta da produtividade de grãos (Kg ha^{-1}) de 12 genótipos de arroz avaliados em oito ambientes durante os anos 2005 e 2006, na Colômbia.

Fonte de Variação	GL	Quadrado médio	F _{cal}	Valor p
Blocos/Ambientes	24	553335,28		
Genótipos (G)	11	9571752	26,57	<0,0001 **
Ambientes (A)	7	111041016	308,25	<0,0001 **
G x A	77	2317266	6,43	<0,0001 **
Resíduo	264	360236		
Coeficiente de Variação		11,47 %		

** Altamente significativo ao 1% de probabilidade pelo teste F.

De acordo com a metodologia de EBERHART & RUSSELL (1996), a estimativa do parâmetro de adaptabilidade é determinada pelo coeficiente de regressão (β_1), onde o genótipo com coeficiente de regressão superior a 1,0 tem comportamento consistentemente melhor em ambientes favoráveis. Se o coeficiente de regressão for inferior a 1,0 é tido como de desempenho relativamente melhor em ambientes desfavoráveis. A magnitude da variância dos desvios da regressão (δ_{ij}) fornece uma

estimativa de previsibilidade do genótipo genético, na qual o genótipo é considerado com estabilidade ou previsibilidade alta, quando o desvio da regressão é igual à zero.

Neste trabalho, foi adotado o coeficiente de determinação (R^2) como substituto do (δ_{ij}), considerando que os dois parâmetros fornecem a mesma informação (PINTHUS, 1973). De acordo com essa determinação, considerando a média de produtividade de grãos, a adaptabilidade e a estabilidade, verifica-se que o genótipo 400094, que apresentou a segunda maior produtividade, demonstrou ainda uma boa adaptabilidade inclusive em ambientes desfavoráveis, bem como a maior estabilidade dentre os genótipos avaliados (Tabela 4).

Também verificou-se por este método que a cultivar Fedearroz 50, a mais cultivada na Colômbia durante o ano 2005, embora com uma média de produtividade alta, apresentou baixa estabilidade, com um coeficiente de determinação de 71,68%, mostrando diferença significativamente diferente de zero, sendo o segundo mais baixo neste estudo.

Ainda na Tabela 4 são apresentados os resultados obtidos pela metodologia de ANNICCHIARICO (1992), que estima a probabilidade de uma determinada cultivar apresentar desempenho abaixo da média do ambiente, recomendando genótipos estáveis para ambientes em geral, favoráveis e desfavoráveis. Desta forma, identifica-se os genótipos 350361, 400094 e a cultivar Fedearroz 50, como genótipos a serem selecionados para ambientes em geral e desfavoráveis. Para ambientes favoráveis são recomendados os genótipos 350411, 400094 e as cultivares Fedearroz 50 e Fortaleza 6-30. Todos esses genótipos apresentaram valores de produção superiores à média do

ambiente específico, sendo, portanto, considerados como os de maior confiabilidade quanto à estabilidade.

Tabela 4. Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de 12 genótipos de arroz nos estados de Meta, Tolima e Huila, na Colômbia, nos anos 2005 e 2006, pelas metodologias de Eberhart & Russell (1966) segundo o coeficiente de regressão (β_1) e o coeficiente de determinação (R^2), e pela metodologia de Annicchiarico (1992) segundo o índice de confiança (ω_i).

Genótipos	Produtividade de grãos	Eberhart & Russell		Annicchiarico		
		β_1	R^2 (%)	ω_i (%) ambiente geral	ω_i (%) ambiente favorável	ω_i (%) ambiente desfavorável
350356	4435	0,99	75,20**	79,41	84,75	74,11
350361	5578	0,69	62,41**	104,78	91,93	121,64
350405	4385	1,19	90,32**	75,74	87,59	65,41
350406	5113	1,07	81,33**	91,84	97,14	86,51
350411	5142	1,24	92,28**	92,68	101,13	85,45
400090	4831	0,95	86,57**	89,17	89,45	88,68
400094	6034	0,81	92,32 ^{ns}	114,10	106,88	123,68
400099	5125	1,07	91,76**	93,63	98,34	89,02
Bonanza 5-30	5246	0,89	77,84**	96,36	95,79	96,78
Fedearroz 50	6171	0,80	71,68**	115,47	103,68	129,74
Fortaleza 6-30	5542	1,27	86,22**	99,83	110,06	90,61
Progreso 4-25	5184	1,00	83,85**	94,59	95,43	94,86

** Significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 1% de probabilidade.
ns, não significativo a 5% de probabilidade pelo teste t.

Ao comparar as duas metodologias, pode-se observar que tanto a metodologia de EBERHART & RUSSELL (1966) como a de ANNICCHIARICO (1992) selecionam o genótipo 400094. Relativamente à metodologia de ANNICCHIARICO (1992), este é um dos genótipos escolhidos para os três diferentes tipos de ambientes, indicando que este método evidencia uma maior sensibilidade na seleção de genótipos do que o método de EBERHART & RUSSELL (1966). Tal fato concorda com as conclusões obtidas nos trabalhos de FARIAS et al. (1997), DIMAURO et al. (2000), RIBEIRO et al. (2000), ROSSE et al. (2002) e MURAKAMI et al. (2004), onde algumas comparações entre metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade foram realizadas.

Destaca-se que o genótipo 350361, que apresentou uma produtividade comparável a do genótipo 400094 (segundo o teste de Scott-Knott), foi selecionada pelo método de ANNICCHIARICO (1992), embora tenha apresentado uma estabilidade baixa, sendo a menor deste estudo, pelo método de EBERHART & RUSSELL (1966). Os seja, estes métodos apresentam diferenças no ranking dos genótipos.

As duas metodologias podem ser utilizadas na recomendação de genótipos de arroz sob diferentes condições ambientais, não obstante a metodologia de ANNICCHIARICO (1992) ser um pouco mais ampla na recomendação de genótipos quanto à estabilidade. Os autores ATROCH et al. (2000) recomendam utilizar a metodologia de ANNICCHIARICO, dada sua simplicidade de cálculo e interpretação, quando comparada com metodologias de regressão. CRUZ & REGAZZI (1997) afirmam que a desvantagem do método de ANNICCHIARICO consiste no fato de que sua metodologia está baseada em análise de variância e, portanto, não estima a capacidade de resposta ou adaptabilidade das cultivares, sendo este parâmetro estimado unicamente por métodos baseados em análises de regressão.

Desta forma, sugere-se utilizar as duas metodologias para se determinar a adaptabilidade e estabilidade nos diferentes genótipos, o que concorda com as conclusões feitas por SILVA & DUARTE (2006), onde os autores recomendam utilizar em associação a metodologia de ANNICCHIARICO com a metodologia de EBERHART & RUSSELL, acreditando que elas podem agregar informação na análise de estabilidade.

4. CONCLUSÕES

As cultivares estudadas apresentaram comportamentos diferentes quanto à estabilidade e adaptabilidade nos oito diferentes ambientes avaliados para a produtividade de grão de arroz.

Os genótipos com maior produtividade foram 400094 e Fedearroz-50. Baseados na metodologia de Eberhart & Russell, considerando a produtividade, adaptabilidade e estabilidade, o melhor genótipo para se recomendar ao agricultor é o 400094.

A metodologia de Annicchiarico identifica os genótipos Fedearroz 50, 400094 e 350361, como os mais desejáveis para o agricultor, considerando sua estabilidade e produtividade.

Embora os dois métodos tenham selecionado o genótipo 400094, como de boa produtividade, adaptabilidade e estabilidade, esses métodos apresentam diferenças no ranking dos genótipos. Numa posição conservadora, recomenda-se utilizar ambos os métodos de forma complementar.

5. REFERÊNCIAS

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**. v. 46, p. 269-278, 1992.

ATROCH, A. L.; SOARES, A. A.; RAMALHO, M. A. P. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de arroz de sequeiro testadas no estado de minas gerais. **Ciências e Agrotecnologia**, v. 24, n. 3, p. 541-548, 2000.

BERNIS, J. M. F.; PAMIES, C. B. [Variedades y mejoras del arroz](http://www.eumed.net/libros/2006a/fbbp/1g.htm), importância econômica y mundial: relatório do ano 2006. Disponível em: <http://www.eumed.net/libros/2006a/fbbp/1g.htm>. Acesso em: 05/02/2007.

CRUZ, C. D. **Programa GENES, versão Windows**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 648 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento de plantas. Viçosa: Associação Brasileira de Editoras Universitárias, 2003. 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 1997. 390 p.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, p. 36-40, 1966.

FARIAS, F. J. C.; RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, L. P.; MOREIRA, J. A. N.; COSTA, J. N. Parâmetros de estabilidade propostos por Lin e Binns (1988) comparados com o método da regressão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, 1997.

JENSEN, N.F. **Plant breeding methodology**. John Wiley & Sons, 1988. 676p.

MARIOTTI, J. A.; OYARZABAL, E. S.; OSA, J. M.; BULACIO, A. N. R.; ALMADA, G. H. Analisis de estabilidad y adaptabilidad de genótipos de caña de azucar. **Revista Agronomica del Noroeste Argentino**, v. 13, n. 1-4, p. 105-27, 1976.

MAURO, A. O. D.; CURCIOLI, V. B.; NÓBREGA, J. C. M.; BANZATO, D. A.; SEDIYAMA, T. Correlação entre medidas paramétricas e não-paramétricas de estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, p. 687-696, 2000.

MURAKAMI, D. M.; CARDOSO, A. A.; CRUZ, C. D.; BIZÃO, N. Considerações sobre duas metodologias de análise de estabilidade e adaptabilidade. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, p. 71-78, 2004.

PINTHUS, M. J. Estimate of genotypic value: a proposed method. **Euphytica**, Wageningen, v. 22, p. 121-123, 1973.

RIBEIRO, N. D.; JOST, E.; POSSEBON, S. B.; CARGNELUTTI FILHO, A. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares registradas de feijão em diferentes épocas

de semeadura para a depressão central do Rio Grande do Sul. **Ciência Rural**, v. 34, n. 5, p. 1395-1400, 2004.

RIBEIRO, P. H. E.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de milho em diferentes condições ambientais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, p. 2213-2222, 2000.

ROSSE, L. N.; VENCOSKY, R.; FERREIRA, D. F. Comparação de métodos de regressão para avaliar a estabilidade fenotípica em cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, p. 25-32, 2002.

SHUKLA, G. K. Some statistical aspects of partitioning genotype-environment components of variability. *Heredity*, Edinburgh, v. 29, n. 2, p. 237-245, 1972.

SILVA, W. C. J.; DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, p. 23-30, 2006.

VERONESI, J. A. **Comparação de métodos e avaliação da adaptabilidade e estabilidade de comportamento de vinte genótipos de milho (*Zea mays* L.) em dez ambientes do Estado de Minas Gerais**. 1995. 90 p. Dissertação de Mestrado em Genética e melhoramento de plantas. Universidade de Viçosa, Viçosa, 1995.

CAPÍTULO 4 – APLICAÇÃO DA METODOLOGIA BAYESIANA PARA ANÁLISES DE TESTES REGIONAIS DE ARROZ NO LESTE DA COLÔMBIA

RESUMO – A análise da interação genótipo x ambiente (IGA) no melhoramento de plantas tem sofrido mudanças na última década, melhorando a sua eficiência quanto à seleção dos genótipos sob diferentes condições ambientais. O objetivo principal deste experimento foi analisar o comportamento de 12 genótipos avaliados em cinco ambientes em 2005 e seis ambientes em 2006 na Colômbia, utilizando a metodologia Bayesiana para a estimação da média dos genótipos, a variância de estabilidade fenotípica de Shukla e o índice Bayesiano de Rendimento-Estabilidade (BYS). Quanto à média dos genótipos, o melhor genótipo foi o 400094. Os genótipos com menores variâncias, ou seja, os mais estáveis segundo a metodologia de Shukla foram 350405, 350406, 400090 e 400099 e o índice Bayesiano BYS identificou o genótipo 400094 como o de melhor comportamento, não apresentando diferença quando comparado com os outros genótipos.

Palavras-chave: Índice Bayesiano, interação genótipo-ambiente, variância de Shukla

1. INTRODUÇÃO

CRUZ & REGAZZI (1997) salientam que a manifestação das características fenotípicas é o resultado da ação do genótipo sob influência do meio. Além disso, numa série de ambientes, além dos efeitos genéticos e ambientais, existem os efeitos das interações. A avaliação da interação genótipo x ambiente é de grande importância para o melhorista, dado que existe a possibilidade do melhor genótipo num ambiente não o ser em outro, dificultando a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade.

Metodologias como a proposta por SHUKLA (1972) podem ser uma alternativa para determinar a estabilidade. Através da metodologia REML é possível estimar a variância de Shukla para testes regionais desbalanceados (PIEPHO, 1997; MAGARI & KANG, 1997; PIEPHO, 1999).

A estatística Bayesiana utiliza três conceitos básicos que são: (i) uma informação inicial (probabilidade a priori), a qual é assumida antes de se obter a particular amostra y_1, \dots, y_n da variável aleatória; (ii) o modelo probabilístico (verossimilhança), que consiste na probabilidade de se obter o dado observado segundo o modelo a utilizar, e (iii) o teorema de Bayes (POLO & ESCOBAL, 2000).

A estimação Bayesiana, para cada um dos componentes de variância a estimar, é baseada na distribuição a posteriori, como função da distribuição a priori e da função de verossimilhança. Uma estimativa de Bayes geralmente é definida como a média ou mediana da distribuição a posteriori. Quando é utilizada a média, é minimizado o risco de Bayes segundo a função de perda quadrática e se é usada a mediana, então é minimizado o risco de Bayes segundo a função de perda absoluta (MOOD et al., 1974).

SILVA & BENAVIDES (2001) afirmam que os resultados obtidos pelos métodos Bayesianos permitem uma maior informação e utilidade quando comparados com os métodos convencionais, além de melhor interpretação dos resultados. Embora existam dificuldades nos cálculos numéricos, o fato é que as mesmas são possíveis de serem solucionadas mediante os programas computacionais modernos.

Estudos feitos em batata, trigo e milho (COTES et al., 2006), utilizando o método Bayesiano, demonstraram que mediante esta metodologia, os programas de

melhoramento de plantas podem ter a possibilidade de selecionar os melhores genótipos em determinados ambientes, obtendo uma estimativa mais precisa onde a informação a priori é avaliada. Além disso, os autores acreditam na possibilidade de aplicar essa metodologia nos modelos AMMI, para determinar a estabilidade e adaptabilidade, só que ainda é preciso mais estudos.

O objetivo do presente trabalho consistiu em analisar o comportamento de 12 genótipos avaliados em 12 ambientes diferentes da Colômbia, durante os anos 2005 e 2006, através da metodologia Bayesiana para a estimação da média dos genótipos, da variância de estabilidade fenotípica de Shukla e do índice Bayesiano de Rendimento-Estabilidade (BYS).

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 11 experimentos no leste da Colômbia, da seguinte forma: no estado de Meta (em solo inundado na localidade de La Libertad e San Cayetano e não inundado Tanane), no Tolima (Escobal, solo inundado) e Huila (Juncal, solo inundado), no ano de 2005. Em 2006, os genótipos foram avaliados nas localidades de Meta (solo inundado na localidade de La Libertad e não inundado Tanane, La Marina e San Vicente), no Tolima (Escobal, solo inundado) e Huila (Juncal, solo inundado).

As informações das coordenadas geográficas dos locais estão apresentadas na Tabela 1. A variável resposta foi a produtividade de grãos (Kg ha^{-1}) dos novos genótipos da empresa SEMILLANO Ltda. (350356, 350361, 350405, 350406, 350411, 400090, 400094 e 400099) e quatro cultivares comerciais utilizadas como testemunhas (Bonanza 6-30, Fedearroz 50, Fortaleza 5-30 e Progreso 4-25), num total de 12 genótipos avaliados.

Houve dificuldade nos testes regionais quanto à disponibilidade de semente e, por isso, apresentam desbalanceamento quanto ao número de ambientes nos dois anos de estudo.

Tabela 1. Coordenadas geográficas e altitude das localidades de condução dos experimentos na Colômbia.

Local	Coordenadas geográficas		Altitude (m)
La Libertad (Meta)	4°03'34,9" N	73°23'37,3" W	326
San Cayetano (Meta)	4°16'11,0" N	73°33'49,3" W	485
San Lorenzo (Meta)	3°57'2,05" N	73°39'35,5" W	428
Tanané (Meta)	4°03'16,4" N	73°27'30,9" W	329
La Marina (Meta)	3°52'11,7" N	73°46'46,8" W	519
Escobal (Tolima)	4°24'10,8" N	75°07'1,67" W	848
Juncal (Huila)	3°02'40,5" N	75°17'18,5" W	521

Em cada localidade utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições. A unidade experimental foi constituída por 20 linhas de 5m de comprimento, com 0,25m de espaçamento entre linhas e uma densidade de 20 g de semente por linha. As práticas culturais adotadas foram as usuais da cultura, segundo o local, e estes experimentos foram estabelecidos na época do ano ótima para cada localidade. Realizou-se a análise de variância para cada experimento e, posteriormente, a análise conjunta dos ambientes, com a finalidade de determinar a significância da interação genótipo x ambiente.

A análise de variância conjunta para verificar a presença da interação genótipo x ambiente foi feita pelo método REML utilizando o programa SAS (SAS, 2004).

2.1. Modelo linear misto para a análise dos testes regionais

São considerados testes regionais de arroz com a ambientes ($i=1,2,\dots,a$), r_i blocos por ambiente ($j=1,2,\dots,b$; onde $b=\sum r_i$), g genótipos ($k=1,2,\dots,g$), n_i observações por ambiente, n_k número de ambientes avaliados para o k -ésimo genótipo e $n=\sum n_i$ o número total de observações. Assim, para o vetor \mathbf{y} de observações fenotípicas, de ordem $n \times 1$, considera-se o modelo misto

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{u}_1 + \mathbf{Z}_2\mathbf{u}_2 + \sum_{k=1}^g \mathbf{Z}_{3(k)}\mathbf{u}_{3(k)} + \mathbf{1}_{n_i} \otimes e_i \quad [1]$$

onde, nesta ordem,

\mathbf{X} e $\boldsymbol{\beta}=[\mu_1,\dots,\mu_g]^t$ referem-se à matriz de incidência $n \times g$ e o vetor $g \times 1$ de efeitos fixos dos genótipos;

\mathbf{Z}_1 e \mathbf{u}_1 referem-se à matriz de incidência $n \times a$ e o vetor $a \times 1$ de efeitos dos ambientes;

\mathbf{Z}_2 e \mathbf{u}_2 referem-se à matriz de incidência $n \times b$ e o vetor $b \times 1$ de efeitos dos blocos dentro dos ambientes;

$\mathbf{Z}_{3(k)}$ e $\mathbf{u}_{3(k)}$ referem-se à matriz de incidência $n \times n_k$ e o vetor $n_k \times 1$ de efeitos da interação genótipo x ambiente para o k -ésimo genótipo.

O vetor $\mathbf{e} = [\mathbf{e}_1^t, \dots, \mathbf{e}_a^t]^t$, onde \mathbf{e}_i é o vetor $n_i \times 1$ de efeitos residuais para o i -ésimo ambiente.

2.2. Metodologia Bayesiana para estimação dos parâmetros do modelo

Segundo COTES et al. (2006), para se realizar a estimação Bayesiana dos parâmetros no modelo [1], supõe-se que a distribuição condicional de \mathbf{y} dado $\boldsymbol{\beta}, \mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2, \mathbf{u}_{3(1)}, \dots, \mathbf{u}_{3(g)}, \sigma_{u_1}^2, \sigma_{u_2}^2, \sigma_{u_{3(1)}}^2, \dots, \sigma_{u_{3(g)}}^2, \sigma_{e_1}^2, \dots, \sigma_{e_a}^2$ segue uma normal multivariada, da forma

$$\mathbf{y} | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2, \mathbf{u}_{3(1)}, \dots, \mathbf{u}_{3(g)}, \sigma_{u_1}^2, \sigma_{u_2}^2, \sigma_{u_{3(1)}}^2, \dots, \sigma_{u_{3(g)}}^2, \sigma_{e_1}^2, \dots, \sigma_{e_a}^2 \sim N \left(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{u}_1 + \mathbf{Z}_2\mathbf{u}_2 + \sum_{k=1}^g \mathbf{Z}_{3(k)}\mathbf{u}_{3(k)}, \mathbf{R} \right)$$

$$\mathbf{R} = \left\{ \sigma_{e_i}^2 \mathbf{I}_{n_i} \right\}$$

onde \mathbf{I}_{n_i} é a matriz de identidade de ordem n_i . Uma característica especial da metodologia Bayesiana, e que a diferencia da metodologia clássica, é a incorporação da informação a priori no modelo probabilístico. Assim, para o modelo [1] foram consideradas as seguintes informações a priori:

$$\boldsymbol{\beta} | \mathbf{B}_0, \sigma_0^2 \sim N(\mathbf{B}_0, \mathbf{I}_g \sigma_0^2)$$

$$\mathbf{u}_m | \sigma_{u_m}^2 \sim N(0, \mathbf{I}_{q_m} \sigma_{u_m}^2)$$

$$\sigma_{u_m}^2 | \nu_{u_m}, s_{u_m}^2 \sim \text{Inv-Scaled} - \chi^2(\nu_{u_m}, s_{u_m}^2)$$

$$m=1,2,3(1), \dots, 3(g)$$

$$\sigma_{e_i}^2 | \nu_{e_i}, s_{e_i}^2 \sim \text{Inv-Scaled} - \chi^2(\nu_{e_i}, s_{e_i}^2)$$

onde,

\mathbf{B}_0 e $\mathbf{I}_g \sigma_0^2$ respectivamente, vetor de médias e a matriz de variâncias a priori do vetor $\boldsymbol{\beta}$ de efeitos fixos (médias dos genótipos);

q_m e $\sigma_{u_m}^2$ respectivamente, o número de níveis e a variância do vetor \mathbf{u}_m de efeitos aleatórios;

ν_{u_m} e $s_{u_m}^2$ são os graus de credibilidade e o fator de escala para a variância de \mathbf{u}_m ;

ν_{e_i} e $s_{e_i}^2$ são os graus de credibilidade e o fator de escala para a variância de \mathbf{e}_i .

A notação Inv-Scaled- χ^2 (GELMAN et. al., 1995) indica a distribuição qui-quadrado invertida com um parâmetro de escala.

Os valores \mathbf{B}_0 , σ_0^2 , ν_{u_m} , $s_{u_m}^2$, ν_{e_i} e $s_{e_i}^2$ são denominados de hiper-parâmetros.

Multiplicando-se as distribuições a priori pela função de verossimilhança foi obtida a distribuição a posteriori conjunta:

$$\begin{aligned}
 & p(\boldsymbol{\beta}, \mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2, \mathbf{u}_{3(1)}, \dots, \mathbf{u}_{3(g)}, \sigma_{u_1}^2, \sigma_{u_2}^2, \sigma_{u_{3(1)}}^2, \dots, \sigma_{u_{3(g)}}^2, \sigma_{e_1}^2, \dots, \sigma_{e_a}^2 | \mathbf{y}, \mathbf{h}) \\
 & \propto \exp\left[-\frac{1}{2\sigma_0^2} (\mathbf{B}_0 - \boldsymbol{\beta})^t (\mathbf{B}_0 - \boldsymbol{\beta})\right] \times \left(\prod_{i=1}^a (\sigma_{e_i}^2)^{-\frac{n_i + \nu_{e_i}}{2} - 1} \exp\left[-\frac{1}{2\sigma_{e_i}^2} \nu_{e_i} s_{e_i}^2\right] \right) \\
 & \times \exp\left[-\frac{1}{2} \left(\mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1 \mathbf{u}_1 + \mathbf{Z}_2 \mathbf{u}_2 + \sum_{k=1}^g \mathbf{Z}_{3(k)} \mathbf{u}_{3(k)} \right)^t \mathbf{R}^{-1} \left(\mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1 \mathbf{u}_1 + \mathbf{Z}_2 \mathbf{u}_2 + \sum_{k=1}^g \mathbf{Z}_{3(k)} \mathbf{u}_{3(k)} \right) \right] \\
 & \times \left(\prod_{m=1}^{3(g)} (\sigma_{u_m}^2)^{-\frac{q_m + \nu_{u_m}}{2} - 1} \exp\left[-\frac{1}{2\sigma_{u_m}^2} \mathbf{u}_m^t \mathbf{I}_{q_m} \mathbf{u}_m + \nu_{u_m} s_{u_m}^2\right] \right)
 \end{aligned} \tag{2}$$

onde \mathbf{h} representa o vetor dos hiper-parâmetros. Nesta pesquisa, assumiu-se uma relativa ignorância a priori sobre os parâmetros $\boldsymbol{\beta}$ e os componentes de variância, colocando-se os hiper-parâmetros como: $\sigma_0^2 = 1 \times 10^8$; $\nu_{u_m} = 1$; $s_{u_m}^2 = 1 \times 10^{-6}$; $\nu_{e_i} = 1$; $s_{e_i}^2 = 1 \times 10^{-6}$ e o vetor $\mathbf{B}_0 = (0, 1) \times \mathbf{1}_g$.

Foi usado o algoritmo de GIBBS para simular dados (vetores) de tamanho s da distribuição a posteriori conjunta [2] que foram depois utilizados na estimação das

distribuições a posteriori marginais dos parâmetros (COTES, et al., 2006) e de algumas funções deles, de interesse nesta pesquisa. Este algoritmo foi programado no SAS/IML (SAS, 2004).

2.3. Análises de estabilidade fenotípica

A variância de Shukla é um indicativo de estabilidade dos genótipos, quando os mesmos são avaliados em vários ambientes. Assim, nesta pesquisa, com o objetivo de estabelecer a estabilidade de um genótipo, utilizou-se o parâmetro:

$$BS_k = \frac{\sigma_{u_3(k)}^2}{\sigma_{u_3(k')}^2} \text{ para todo } k \neq k'$$

onde k corresponde ao genótipo de interesse e k' corresponde ao genótipo com a menor variância de Shukla. O genótipo k' é determinado como aquele que tem a menor estimativa de Bayes da variância de Shukla, porém esse genótipo é declarado estável dentro do grupo de genótipos avaliados.

Em seguida, com o objetivo de se determinar outros genótipos possíveis de serem também declarados estáveis, determina-se a distribuição a posteriori do parâmetro BS_k e calcula-se a probabilidade a posteriori $P(BS_k \leq 1)$. Quando esta probabilidade é maior ou igual a 5%, o genótipo k é também considerado estável.

A distribuição a posteriori do parâmetro BS_k foi determinada a partir da amostra de tamanho s obtida pelo algoritmo de GIBBS da distribuição a posteriori conjunta [2], pegando-se os componentes $\sigma_{u_3(k)}^2$ e $\sigma_{u_3(k')}^2$, e calculando-se a razão entre eles para cada vetor dessa amostra. Com isso, obteve-se uma amostra de s valores de BS_k com a qual a probabilidade $P(BS_k \leq 1)$ foi estimada como a frequência relativa do evento “ $BS_k \leq 1$ ” nessa amostra.

2.4. Análise de Rendimento- Estabilidade

Sob a suposição de rendimento com distribuição normal, a diferença entre a média é três vezes a raiz quadrada da variância fenotípica que pode ser vista, na prática, como o menor rendimento possível de ocorrer na lavoura, que pode ser interpretado como uma expectativa de rendimento mínimo por parte do agricultor. A variância fenotípica, no modelo [1], é composta pela variância do ambiente, dos blocos dentro dos ambientes, da interação genótipo x ambiente devida a cada genótipo (variância de Shukla) e do erro experimental.

Na comparação de dois genótipos, observa-se que somente a variância de Shukla é a parte da variância fenotípica total que pode diferenciá-los porque os demais componentes de variância são comuns para eles. Assim, como um critério de seleção de genótipos, propõe-se o índice Bayesiano de Rendimento-Estabilidade BYS (iniciais do inglês Bayesian Yield-Stability) de um genótipo como $BYS = \mu - 3\sigma$, onde μ é a média populacional e σ é a raiz quadrada da variância de Shukla, para o genótipo considerado.

O BYS é um parâmetro que leva em conta, simultaneamente, o rendimento e a estabilidade de cada genótipo. Segundo o BYS, considera-se como o melhor genótipo, aquele que apresenta o maior valor desse índice. Assim, o uso do BYS vai de encontro ao interesse do produtor, no sentido que seleciona genótipos com altas expectativas de rendimento mínimo.

COTES-TORRES (2004) afirma que é importante notar que o BYS também pode ser estimado por outras metodologias estatísticas, mas a metodologia Bayesiana oferece vantagens importantes como a não obtenção de variâncias negativas ou nulas, as quais seriam sérios problemas na estimação do BYS. Além disto, a metodologia Bayesiana, através da obtenção da distribuição a posteriori, viabiliza a realização de uma adequada inferência estatística, a qual seria bem mais difícil se o BYS fosse estimado por outras metodologias estatísticas. Dessa forma, torna-se claro que, na atualidade, é possível a exploração de diferentes características das distribuições a

posteriori marginais obtidas pela metodologia Bayesiana, graças à utilização do algoritmo de GIBBS ou de outro método de amostragem da distribuição a posteriori conjunta.

A estimativa do BYS de cada genótipo foi determinada como a média da distribuição a posteriori desse parâmetro. Essa média foi obtida a partir da amostra de GIBBS gerada da distribuição a posteriori conjunta [2], calculando-se o BYS pelos componentes correspondentes à média e à variância de Shukla do respectivo genótipo em cada um dos s vetores gerados e, a seguir, obtendo-se a média aritmética dos s valores do BYS assim obtidos. Esses s valores do BYS correspondem a uma amostra de tamanho s da distribuição a posteriori marginal desse parâmetro, com base na qual foram determinados os intervalos de credibilidade ao 90%, além da própria estimação da distribuição a posteriori marginal do BYS.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise de variância conjunta pôde-se observar que houve efeitos altamente significativos ($p \leq 0,01$) de genótipos, de ambientes e de interação de genótipo x ambiente (Tabela 2). A presença da interação significativa indica que o desempenho dos genótipos não foi consistente nos locais avaliados. Esse resultado reflete a sensibilidade dos genótipos às diversas condições dos ambientes avaliados, que neste estudo incluem condição do solo, ano e localidade. Assim, há o interesse na identificação dos genótipos de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações do ambiente. O CV para a relação repetição/ambiente obtido foi de 21,54% e o do resíduo de 12,38%, considerando-se aceitável para a cultura do arroz.

Tabela 2. Análises de variância conjunta para a variável produção de arroz (Kg há^{-1}) de 12 genótipos avaliados em cinco ambientes em 2005 e seis ambientes em 2006, na Colômbia.

Fonte de Variação	G.L.	Soma de quadrados	Quadrado médio	F. calc	C.V.
Rep./Ambiente	37	48250933	1304079	3,03**	21,54
Genótipos (G)	11	124429456	11311769	5,25**	
Ambientes (A)	10	831497201	83149720	27,94**	
G x A	92	201921528	2194799	5,09**	
Resíduo	329	141774366	430925		12,38

** Altamente significativo a 1% segundo a probabilidade pelo teste F.
CV = Coeficiente de Variação

Nas avaliações dos genótipos de arroz, considerando as estimativas das médias do rendimento, pode-se observar que o genótipo 400094 teve a maior média de produtividade seguida da cultivar Fedearroz-50. Informações obtidas pelo Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT, 2001) indicam que a cultivar Fedearroz 50 tem tido grandes êxitos, desde que foi levada ao mercado, apresentando uma produtividade média de 5 até 7 ton ha^{-1} , dependendo das condições climáticas. Assim, pode-se destacar que o genótipo 400094 é tão bom como Fedearroz 50 quanto à produtividade, embora tenha outras características morfológicas favoráveis que não são

apresentadas neste trabalho. Ao observar os intervalos de credibilidade (90%) entre os limites inferior e superior, nota-se que são muito semelhantes entre todos os genótipos, não apresentando uma diferença significativa entre eles quando comparados com a 400094, à exceção do genótipo 350405 onde seus intervalos foram muito baixos (Tabela 3).

Tabela 3. Estimativas de Bayes para as médias do rendimento e da variância de estabilidade fenotípica de Shukla, para 12 genótipos de arroz avaliados em cinco ambientes no ano de 2005 e seis em 2006, no leste da Colômbia.

Genótipos	Médias do Rendimento			Estabilidade de Shukla		
	Estimativa de Bayes	Intervalo de Credibilidade 90%		Estimativa de Bayes	Intervalo de Credibilidade 90%	
		inferior	Superior		inferior	superior
Bonanza 6-30	5,5203492	4,5566563	6,4901959	1,0858919	0,4002989	2,3345565
Fedearroz-50	5,9609658	4,9516929	6,9583658	1,3135911	0,5330285	<u>2,7539658</u>
Fortaleza5-30	5,6476808	4,6850797	6,6111629	1,0183767	0,3890693	2,1848863
Progreso 4-25	5,2042322	4,2019091	6,1952825	0,9472784	0,2612310	2,3369874
350356	4,4964876	3,5649781	5,4236388	0,5403599	0,1101616	1,4296784
350361	5,5771333	4,4361621	6,7195214	1,8962714	0,6062340	<u>4,4998671</u>
350405	4,3802181	3,5343396	5,2229719	0,1259612	<u>7,360619E-14</u>	0,6090678
350406	5,0413166	4,2084324	5,8838457	0,0759413	<u>7,046521E-14</u>	0,4516908
350411	5,0956359	4,1038110	6,0887822	0,8911428	0,2360438	2,2378904
400090	4,9261601	4,1152904	5,7393238	0,000249139	<u>5,08472E-14</u>	2,343658E-13
400094	<u>6,2148202</u>	5,2974553	7,1348523	0,7265793	0,2685772	1,5525466
400099	<u>5,0925617</u>	4,2775066	5,9023071	0,000011584	<u>5,118634E-14</u>	<u>2,36462E-13</u>

A estimativa da variância, segundo a metodologia de Shukla, é apresentada também na Tabela 3, onde os resultados indicam que os genótipos com menores variâncias, ou seja, os mais estáveis são 400099, 400090, 350406 e 350405 e os que têm maiores variâncias (possivelmente instáveis) são 350361 e Fedearroz 50.

Os resultados obtidos baseados no parâmetro Bayesiano de rendimento-estabilidade (BYS) indicam que os genótipos 400094 e 400099 apresentam os maiores valores. Quando se observam os intervalos de credibilidade, destaca-se que não há diferenças significativas entre estes genótipos e os restantes (Tabela 4). Desta forma o parâmetro BYS, analisado pelos intervalos de credibilidade, não foi conclusivo para a seleção de genótipos nestes testes regionais. Este resultado é diferente do encontrado por COTES-TORRES (2004) que, analisando testes regionais de batata em 10 localidades e 15 genótipos, encontrou que este parâmetro ajudava eficientemente na

seleção de genótipos, confirmando de igual forma os estudos feitos em investigações desenvolvidas por SILVA & BENAVIDES (2001).

Tabela 4. Análise do índice Bayesiano de Rendimento-Estabilidade (BYS), para 12 genótipos de arroz, avaliados em cinco ambientes no ano de 2005 e seis em 2006, no leste da Colômbia.

Genótipos	BYS		
	Estimativa de Bayes	Intervalo de Credibilidade 90%	
		Inferior	Superior
Bonanza 6-30	443,445	287,777	566,060
Fedearroz-50	464,737	290,933	594,494
Fortaleza5-30	462,930	314,329	580,746
Progreso 4-25	425,695	254,827	551,960
350356	395,612	264,110	503,311
350361	368,086	0,85031	544,633
350405	425,425	327,716	513,808
350406	496,537	407,329	581,626
350411	420,449	258,563	541,868
400090	492,591	411,465	573,926
400094	<u>548,824</u>	<u>424,924</u>	<u>654,059</u>
400099	<u>509,255</u>	<u>427,750</u>	<u>590,230</u>

Os resultados de rendimento obtidos neste trabalho possivelmente indicam que os genótipos obtidos com melhoramento tradicional em arroz tem pouco incremento em nível produtivo, ou seja, pode-se pensar que esse sistema de melhoramento pode estar chegando a um patamar quanto à produtividade. Assim, surge a importância de buscar alternativas de melhoramento em arroz como é a tecnologia dos híbridos (PORTO, 2003).

4. CONCLUSÕES

Os dados das médias dos genótipos e o índice Bayesiano de rendimento-estabilidade indicaram o genótipo 400094, como o de melhor comportamento entre os genótipos em estudo, embora não tenham diferença significativa quando comparado com os outros genótipos avaliados.

Os genótipos mais estáveis segundo a metodologia de Shukla foram 400099, 400090, 350406 e 340405.

Os parâmetros Bayesianos pelo método de Shukla não conseguiram diferenciar, neste caso, os genótipos de forma eficiente devido à proximidade entre a produtividade dos genótipos avaliados.

5. REFERÊNCIAS

CIAT, Centro Internacional de Agricultura Tropical, Mejoramiento **de arroz, resultados sobresalientes**, Disponível em:

<<http://www.ciat.cgiar.org/riceweb/esp/resultados.htm>>. Acesso em: 15/02/2007.

COTES, J.M. **Análise Bayesiana da interação genótipo-ambiente na seleção de genótipos por estabilidade fenotípica e por rendimento-estabilidade**. 2004. 64f. Tese (Doutorado em Genética e melhoramento de plantas), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, UNESP, Jaboticabal. SP. 2004.

COTES, J. M.; CROSSA, J.; SANCHES, A.; CORNELIUS, P. L. A Bayesian Approach for Assessing the Stability of Genotypes. **Crop Science**, v. 46, p. 2654-2665, 2006.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 1997. 390 p.

GELMAN, A.; CARLIN, J. B.; STEM, H. S.; RUBIN, D. B. Bayesian data analysis. 4th ed. London: Chapman & Hall,

MAGARI, R.; KANG, M. S. SOFTWARE, SAS-STABLE: Stability Analyses of Balanced and Unbalanced Data. **Agronomy Journal**, v. 89, p. 929-932, 1997.

MOOD, A. M.; GRAYBILL, F. A.; BOES, D. C. Introduction to the theory of statistics. 3. ed. Tokyo: McGrawHill, 1974. 564 p.

PIEPHO, H. P. Analyzing genotype-environment data by mixed model with multiplicative terms. **Biometrics**, v. 53, n. 2, p. 761-766, 1997.

PIEPHO, H. P. statistics. Stability Análisis Using the SAS System. **Agronomy Journal**, v. 91, p. 154-160, 1999.

POLO, F. J. V.; ESCOBAL, M. C. M. 2000. Sobre la enseñanza de rudimentos de estadística bayesiana con aplicaciones en economía y empresa. Disponible em: <<http://150.214.55.100/asepuma/sevilla2000/m4-04.pdf>>. Acceso em: 15/02/2007.

PORTO, M. Tecnologia para la producción de arroz híbrido. 2003. Disponible em: <<http://www.fao.org/docrep/003/V4730S/v4730s01.htm#TopOfPage>>. Acceso em: 10/02/2007.

SAS INSTITUTE. **SAS OnlineDoc® 9.1.3**. SAS/STAT. Cary, 2004.

SHUKLA, G. K. Some statistical aspects of partitioning genotype-environment components of variability. **Heredity**, v. 29, p. 237-245, 1972.

SILVA, L. C.; BENAVIDES, A. El enfoque Bayesiano: otra manera de inferir. *Gac Sanit*, v. 15, n. 4, p. 341-346, 2001.

CAPÍTULO 5 – IMPLICAÇÕES

O principal objetivo deste trabalho foi quantificar a interação genótipo por ambiente em genótipos obtidos pela empresa SEMILLANO, que se encontravam em fase avançada de endogamia, visando a seleção de genótipos estáveis e com elevada produtividade nos diversos ambientes onde é realizado o cultivo de arroz, no leste da Colômbia.

Para quantificar a interação genótipo por ambiente, foram estabelecidos 11 testes multi-ambientais. Oito deles apresentaram o mesmo número de genótipos e repetições enquanto que nos outros três ocorreram informações incompletas por não haver suficiente quantidade de sementes para estabelecer todas os genótipos requeridos.

As metodologias da pesquisa foram baseadas numa análise aditiva e multiplicativa de regressão por localidade (SREG), componentes de variância (Annicchiarico e Shukla) e de regressão linear simples (Eberhart & Russell). Para o estudo dos dados desbalanceados, empregou-se a metodologia utilizada por COTES et al. (2006), baseado no método de Shukla com uma estimativa Bayesiana dos dados.

Essas metodologias avaliaram os diferentes comportamentos dos genótipos baseados na produtividade. Desta forma, a metodologia de Annicchiarico identificou o genótipo 400094 como o mais estável e a metodologia de Eberhart & Russell identificou o mesmo genótipo como o de melhor adaptabilidade e estabilidade entre todos os genótipos avaliados. Embora as duas metodologias tenham identificado o mesmo genótipo a selecionar, a metodologia de Annicchiarico oferece uma informação mais completa, dado que apresenta uma classificação dos genótipos tanto para ambientes em geral, como para ambientes favoráveis e desfavoráveis. Já a metodologia de Eberhart & Russell só seleciona genótipos para ambientes em geral ou favoráveis ou desfavoráveis.

O modelo SREG selecionou o genótipo 400094 como o mais estável e produtivo, o que está de acordo com os resultados obtidos pela metodologia de Eberhart & Russell e Annicchiarico. A metodologia SREG e seu gráfico GGE biplot apresentam mais uma

informação quando comparado com as outras metodologias, dado que o SREG permite identificar os mega-ambientes, ou seja, permite o agrupamento de locais com características ambientais semelhantes, onde a interação genótipo por ambiente é não significativa. Essa característica é fundamental nos programas de melhoramento pois ajuda a reduzir os custos da pesquisa, uma vez que permite eliminar locais que são muito semelhantes, reduzindo assim o número de testes multi-ambientais a estabelecer. A metodologia SREG realiza uma recomendação de genótipos mais útil para o melhorista porque ela identifica os genótipos com maior estabilidade fenotípica e mais produtivos, além de apresentar os ambientes mais recomendados para a cultura em estudo. A principal desvantagem da metodologia SREG é que somente pode ser utilizada com dados balanceados, então uma boa opção seria estudar a possibilidade de implementar a metodologia bayesiana para este modelo.

A metodologia de Shukla, utilizada para avaliar um maior número de locais com dados desbalanceados, selecionou genótipos diferentes aos identificados pelas outras metodologias em estudo e o índice Bayesiano de rendimento-estabilidade selecionou o genótipo 400094 como o de melhor comportamento, concordando com as outras metodologias. De todas as metodologias em estudo (Annicchiarico, Eberhart & Russell, SREG e Shukla), a metodologia de Shukla apresenta um pouco mais de dificuldade na interpretação dos resultados.

A metodologia Bayesiana é uma boa opção para implementar em outras metodologias que oferecem um maior ou diferente número de informações, permitindo a incorporação de informação a priori, além de estimações de variâncias não negativas e a utilização de dados desbalanceados, situação comum neste tipo de experimento.