

Inferência Bayesiana na Análise de Testes Regionais de Arroz em Dois Sistemas de Cultivo

Bayesian Inference in Regional Trials Analyses with Rice Under Two Cropping Systems

Lina Maria Ramos Molina¹; Adhemar Sanches² y José Miguel Cotes Torres³

Resumo. O objetivo principal desta pesquisa foi utilizar a metodologia Bayesiana, a variância de estabilidade fenotípica de Shukla e um índice Bayesiano de Rendimento-Estabilidade (BYS), para avaliar o comportamento de genótipos de arroz na Colômbia. Para verificar a presença da interação genótipo-ambiente, foi feita a análise de variância conjunta. Quanto à média dos genótipos, os resultados mostraram que o melhor genótipo foi o 400094. O método Bayesiano na estimação dos parâmetros pelo método de Shukla não evidenciou diferença dos genótipos de forma eficiente, provavelmente devido à proximidade entre a produtividade dos genótipos avaliados. 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: Interação genótipo-ambiente, Metodologia Bayesiana, Variância de Shukla, Índice Bayesiano de Rendimento-Estabilidade.

Abstract. The main objective of this research was to analyze the behavior of 12 rice (*Oryza sativa* L.) genotypes from Colombia in five environments during 2005 and six environments during 2006. The Bayesian methodology was used to estimate genotype yield averages, Shukla's variance to determine phenotypic stability and the Bayesian Yield-Stability (BYS) index for estimating yield stability.

Genotypic averages showed that greatest grain yield was obtained with genotype 400094. The genotypes with the least phenotypic variability according to Shukla's methodology were 350405, 350406, 400090 and 400099. Numerically, the BYS index of genotype 400094 ranged above the averages of the other genotypes, but no statistically significant differences were found.

Key words: Genotype-environment interactions, Bayesian methodology, Shukla's variance, Bayesian Yield-Stability.

Aproximadamente 75% da população mundial inclui o arroz na sua alimentação diária, superando em alguns casos o consumo de outros cereais tais como o milho e o trigo. A produção mundial de arroz supera 500 milhões de toneladas. As variedades de arroz cultivadas nos últimos anos apresentam uma gradual renovação das mais antigas, em função das melhores características, dado que as novas oferecem melhores rendimentos, uma maior resistência às pragas e enfermidades, altura mais baixa (resistência ao acamamento) e melhor qualidade de grãos (Franquet e Borrás, 2004).

O arroz tem a facilidade de se adaptar a diferentes climas, solos e condições de umidade. Na América Latina, cerca de 55% do cultivo é semeado em áreas úmidas, das quais dois terços são produzidos em condições de arroz irrigado. Os outros 45%,

denominado arroz de sequeiro, são cultivados com a água de chuva (condições temporais) (CIAT, 2007). Desta forma, a avaliação da estabilidade fenotípica na cultura do arroz constitui-se numa das etapas importantes nos programas de melhoramento genético, antecedendo à recomendação de novos cultivares melhorados com características agrônômicas, fisiológicas e morfológicas, superiores aos materiais originais, além de responder às necessidades dos agricultores.

As diferentes manifestações das características fenotípicas é o resultado da ação do genótipo sob influência do meio (Cruz *et al.*, 1997). Numa série de ambientes, além dos efeitos genéticos e ambientais, existem os efeitos das interações. A avaliação da interação genótipo-ambiente é de grande importância para o melhorista, dado que existe a possibilidade do melhor genótipo num ambiente não o ser em outro.

¹ Engenheira Agrônoma. Estudante Doutorado em Genética y Mejoramiento de Plantas, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho". Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias. Departamento de Ciências Exatas. Via de acesso Prof. Paulo Donato Castellane, s/n. CEP 14884-900. Jaboticabal, SP, Brasil. <limaramo@gmail.com>

² Professor Adjunto. Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho". Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias. Departamento de Ciências Exatas. Via de acesso Prof. Paulo Donato Castellane, s/n. CEP 14884-900. Jaboticabal, SP, Brasil. <adhesan@fcav.unesp.br>

³ Profesor Asociado. Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Departamento de Ciencias Agronómicas. A.A. 3840, Medellín, Colombia. <jmccotes@unal.edu.co>

Recibido: Marzo 26 de 2010; aceptado: Mayo 13 de 2011

Allard e Bradshaw (1964) discutiram os mecanismos que promovem a estabilidade da produção e concluíram que existem duas maneiras de escapar da interação. A primeira, o cultivar pode ser composto por um grande número de genótipos, adaptados a diferentes ambientes e, a segunda, os próprios indivíduos podem ser bem adaptados e cada membro da população ser bem adaptado em vários ambientes.

Nos Estados de Huila, Tolima e Meta na Colômbia, o programa de melhoramento genético de arroz é conduzido nos dois sistemas do cultivo (arroz irrigado e arroz de sequeiro). Dessa forma, é esperada a ocorrência da interação genótipo-ambiente.

A metodologia proposta por Shukla (1972), pode ser uma alternativa para se estudar a estabilidade de genótipos. O método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), desenvolvido por Patterson e Thompson (1971), é uma alternativa para a estimação dos componentes de variância em testes regionais desbalanceados (Piepho, 1997; Magari e Kang, 1997; Piepho, 1999), e pode ser implementado em metodologias como a proposta por Shukla (1972), utilizada para determinar a estabilidade dos genótipos. Outro método utilizado na atualidade para a estimação de dados desbalanceados é a estatística Bayesiana. Silva e 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.

A inferência Bayesiana utiliza três conceitos básicos que são: (i) uma informação inicial (probabilidade *a priori*), a qual geralmente é assumida como uma lei de probabilidade conjunta sobre os parâmetros, antes de se obter a particular amostra y_1, \dots, y_n da variável aleatória; (ii) o modelo probabilístico da variável aleatória resposta y , com o qual se obtém a verossimilhança da amostra, e (iii) o teorema de Bayes (Vázquez y Martel, 2000). Assim, no contexto Bayesiano, os parâmetros passam a ser interpretados como variáveis aleatórias, com uma lei de probabilidade (distribuição *a priori*) que reflete a informação inicial (ou a falta de informação) sobre eles, independente do que os dados possam mostrar.

A inferência Bayesiana para os componentes de variância é feita com base na chamada distribuição *a posteriori* conjunta desses parâmetros, que é obtida como uma combinação da distribuição *a priori* conjunta dos parâmetros e da verossimilhança da amostra. Uma estimativa de Bayes de um parâmetro pode ser

determinada como a média ou mediana da distribuição *a posteriori* marginal desse parâmetro. No contexto de Teoria da Decisão, essa média (que é a média da distribuição *a posteriori* marginal) é o valor que minimiza o risco de Bayes quando se usa a função de perda quadrática. Quando se usa a função de perda absoluta, é a mediana (mediana da distribuição *a posteriori* marginal) que minimiza o risco de Bayes (Mood *et al.*, 1974).

Silva y Benavides (2001) afirmam que os resultados obtidos pelos métodos Bayesianos, permitem uma maior informação e utilidade quando comparados com os métodos convencionais, além de permitir melhor interpretação dos resultados. Embora possam existir dificuldades nos cálculos numéricos, o fato é que as mesmas são possíveis de serem solucionadas mediante os programas computacionais modernos disponíveis aos usuários.

Estudos feitos em batata, trigo e milho (Cotes *et al.*, 2006), utilizando o método Bayesiano, observaram 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 utilizada.

De acordo com Blasco (2001), tanto os métodos frequentistas (REML) quanto os métodos Bayesianos possuem fundamentações teóricas consistentes e a escolha de um deles depende da capacidade e da facilidade de resolução de cada caso, bem como de preferências pessoais dos pesquisadores interessados.

O objetivo do presente trabalho consistiu em analisar a aplicação da metodologia Bayesiana na avaliação de genótipos de arroz em testes regionais, na estimação das médias dos genótipos, da variância de estabilidade fenotípica de Shukla, bem como no uso do índice Bayesiano de Rendimento-Estabilidade (BYS), através de dados de doze genótipos de arroz obtidos em onze ambientes diferentes da Colômbia, durante os anos 2005 e 2006, e em dois sistemas de cultivo (irrigado e de sequeiro).

MATERIAL E MÉTODOS

Testes regionais. 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 na localidade de 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 nas localidades de Tanane, La Marina

e San Vicente), no Tolima (Escobal, solo inundado) e Huila (Juncal, solo inundado). As informações das coordenadas geográficas dos locais, junto com o sistema do cultivo estão apresentadas na Tabela 1.

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

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

A variável resposta foi a produtividade de grãos (Kg ha⁻¹) de oito novos genótipos da empresa SEMILLANO Ltda. (identificados como 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 dos materiais nos diferentes ambientes nos dois anos de estudo.

Delineamento experimental. Em cada localidade 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 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, 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-ambiente.

Análise combinado. Neste trabalho onde foi considerado um grande número de dados desbalanceados, a análise de variância conjunta para verificar a presença da interação genótipo-ambiente, foi feita pelo método REML (Máxima Verossimilhança restrita) descrito por Patterson e Thompson (1971), método disponível no procedimento Mixed Procedure (PROC MIXED) do sistema computacional Statistical Analysis

System (SAS) versão 9.1 (SAS, 2004). O REML é uma generalização da ANOVA para situações mais complexas, permitindo uma maior flexibilidade na modelagem por não supor a independência dos erros, estimando os componentes de variância (parâmetros genéticos) com maior precisão. Esse procedimento foi utilizado no ajuste do modelo linear misto para a análise dos testes regionais.

Análise bayesiana. Para o modelo foram 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 $n=\sum n_i$ número total de observações. Assim, para o vetor \mathbf{y} de observações fenotípicas, de ordem $n \times 1$, considera-se o seguinte modelo linear misto:

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

one, nesta ordem,

\mathbf{X} e $\boldsymbol{\beta}=[\mu_1,\dots,\mu_g]^t$ referem-se a 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 a 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 a 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 a 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.

onde

$$\hat{v}_{e_i} = v_{e_i} + n_j \quad e \quad \hat{s}_{e_i}^2 = \frac{e_i^t e_i + v_{e_i} s_{e_i}^2}{v_{e_i} + n_j}$$

De modo semelhante, as distribuições *a posteriori* condicionais para $\sigma_{u_m}^2$ são também identificadas como uma qui-quadrado invertida escalonada, ou seja

$$\sigma_{u_m}^2 | \theta, \sigma_{e_1}^2, \dots, \sigma_{e_s}^2, y, h \sim Inv - Scaled - \chi^2(\hat{v}_{u_m}, \hat{s}_{u_m}^2) \quad [5]$$

onde

$$\hat{v}_{u_m} = v_{u_m} + q_m \quad e \quad \hat{s}_{u_m}^2 = \frac{u_m^t u_m + v_{u_m} s}{v_{u_m} + q_m}$$

Assim, para gerar um número r de vetores $\beta, u_1, u_2, u_{3(1)}, \dots, u_{3(g)}, \sigma_{u_1}^2, \sigma_{u_2}^2, \sigma_{u_{3(1)}}^2, \dots, \sigma_{u_{3(g)}}^2, \sigma_{e_1}^2, \dots, \sigma_{e_s}^2$ da distribuição *a posteriori* conjunta [2] seguem-se os seguintes passos:

1. Coloca-se valores iniciais para cada um dos parâmetros $\sigma_{u_1}^2, \sigma_{u_2}^2, \sigma_{e_1}^2, \dots, \sigma_{e_s}^2, \sigma_{u_{3(1)}}^2, \dots, \sigma_{u_{3(g)}}^2$
2. Gera-se θ da distribuição [3] e atualiza;
3. Gera-se cada um dos $\sigma_{e_i}^2$ da distribuição [4] e atualiza;
4. Gera-se cada um dos $\sigma_{u_m}^2$ da distribuição [5] e atualiza;
5. Com os valores atualizados, repete-se os passos 2,3 e 4 outras $r-1$ vezes.

Nesta pesquisa, foram descartados os primeiros 15.000 vetores gerados correspondentes ao período de "burn-in" (ou período de aquecimento), que é o período no qual a cadeia de Markov (programada no algoritmo de GIBBS) foi estabilizada, segundo a interpretação visual dos gráficos para diagnóstico de convergência. Após esse período, e devido à correlação existente entre os vetores gerados, pegou-se um vetor a cada 10 vetores gerados (Wang *et al.*, 1993). Procedendo-se assim foi obtida uma amostra de tamanho s , da distribuição *a posteriori* conjunta [2]. Amostras das distribuições *a posteriori* marginais, $p(\theta | y), p(\sigma_{u_m}^2 | y), p(\sigma_{e_s}^2 | y)$, foram obtidas desses próprios s vetores gerados, pegando-se os componentes $\theta, \sigma_{u_m}^2$ e $\sigma_{e_s}^2$ de cada um desses vetores, respectivamente.

O algoritmo de GIBBS foi programado no SAS IML (SAS, 2004). Para os testes regionais foi obtida

uma amostra de tamanho $s=100000$ vetores da distribuição *a posteriori* conjunta [2].

Análise 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 foi utilizado o parâmetro:

$$BS_k = \frac{\sigma_{u_{3(k)}}^2}{\sigma_{u_{3(k')}}^2} \quad \text{para todo } k \neq k'$$

Ond ek 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.

Análise de rendimento e estabilidade fenotípica. Como ultimo critério de seleção de genótipos, propõe-se o índice Bayesiano de Rendimento-Estabilidade *BYS* (iniciais do inglês Bayesian Yield-Stability) (Cotes, 2004) de um genótipo como $BYS = \mu - \sigma$, 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, àquele 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 (2004) afirma que é importante notar que o *BYS*, também pode ser estimado por outras metodologias estatísticas, mas a metodologia Bayesiana oferece vantagens importantes. 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 a 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*.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância conjunta para produção de grãos indicou pelo teste F, que houve efeitos altamente

significativos ($P \leq 0,01$) dos genótipos, dos ambientes e da interação genótipo-ambiente (Tabela 2). A diferença significativa dos genótipos e dos ambientes determina que existem diferenças genéticas entre os indivíduos, assim como entre os ambientes em estudo. 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 sistema do cultivo, ano e localidade. Assim, há o interesse na identificação dos genótipos de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações do ambiente. O coeficiente de variação do resíduo foi de 12,38%, considerando-se aceitável para a cultura do arroz.

Nas avaliações dos genótipos de arroz, considerando as estimativas das médias da produtividade, pode-se observar que o genótipo 400094 teve a maior média 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 a 7 ton·ha⁻¹, dependendo das condições climáticas. Assim, pode-se destacar que o genótipo 400094 é

Tabela 2. Análises de variância conjunta para a variável produção de arroz (Kg·ha⁻¹) de 12 genótipos de arroz avaliados em cinco ambientes no ano de 2005 e seis em 2006, no leste da Colômbia.

Fonte de Variação	GL	Soma de quadrados	Quadrado médio	F. calculado	C.V.
Rep./Ambiente	37	48250933	1304079	3,03**	
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 ($P < 0,01$) segundo a probabilidade pelo teste F.
CV = Coeficiente de Variação

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 inferiores e superiores, 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).

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. Assim, pode-se observar que os genótipos com média de produção alta, não foram segundo a metodologia de Shukla os mais estáveis.

Tabela 3. Estimativas de Bayes para as médias de produção e a variância da 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 Produção			Estabilidade de Shukla		
	Estimativa de Bayes	Intervalo de Credibilidade 90%		Estimativa de Bayes	Intervalo de Credibilidade 90%	
		Inferior	Superior		Inferior	Superior
Bonanza 6-30	5,520	4,557	6,490	1,086	0,400	2,334
Fedearroz-50	5,961	4,952	6,958	1,314	0,533	2,754
Fortaleza5-30	5,648	4,685	6,611	1,018	0,389	2,185
Progreso 4-25	5,204	4,202	6,195	0,947	0,261	2,337
350356	4,496	3,565	5,424	0,540	0,110	1,4630
350361	5,577	4,436	6,720	1,896	0,606	4,499
350405	4,380	3,534	5,223	0,126	<0,001	0,609
350406	5,041	4,208	5,884	0,076	<0,001	0,452
350411	5,095	4,104	6,089	0,891	0,236	2,238
400090	4,926	4,115	5,739	<0,001	<0,001	<0,001
400094	6,215	5,297	7,135	0,726	0,269	1,552
400099	5,092	4,278	5,902	<0,001	<0,001	<0,001

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 BYB, analisado pelos intervalos de credibilidade, não foi conclusivo

para a seleção de genótipos nestes testes regionais. Este resultado é diferente do encontrado por Cotes (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 e 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	4,434	2,878	5,661
Fedearroz-50	4,647	2,909	5,945
Fortaleza5-30	4,629	3,143	5,807
Progreso 4-25	4,257	2,548	5,520
350356	3,956	2,641	5,033
350361	3,681	0,850	5,446
350405	4,254	3,277	5,148
350406	4,965	4,073	5,816
350411	4,204	2,586	5,419
400090	4,926	4,115	5,739
400094	5,488	4,249	6,540
400099	5,092	4,278	5,902

Os resultados de produtividade obtidos neste trabalho possivelmente indicam que os genótipos obtidos no programa de melhoramento tradicional em arroz têm pouco incremento em nível produtivo, ou seja, pode-se pensar que esse sistema de melhoramento pode estar chegando a um patamar quanto à produtividade. Ou também outra hipótese pode ser a possibilidade da falta de uma alta variabilidade genética nos cruzamentos entre os materiais em estudo quanto a produção. Desse modo, forna-se importante a busca de alternativas de melhoramento em arroz como é a tecnologia dos híbridos (Yuan y Fu, 2003).

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.

A metodologia de Shukla foi útil para determinar a estabilidade dos genótipos em estudo, considerando-se que os materiais mais estáveis foram 400099, 400090, 350406 e 340405.

O parâmetro Bayesiano BYS não conseguiu diferenciar, neste caso, os genótipos de forma eficiente devido a proximidade entre a produtividade dos genótipos avaliados.

BIBLIOGRAFIA

Allard, R.W. and A.D. Bradshaw. 1964. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. *Crop Science* 4(6): 503-508.

Blasco, A. 2001. The Bayesian controversy in animal breeding. *Journal of Animal Science* 79(8): 2023-2046.

Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). 2001. Mejoramiento de arroz, resultados sobresalientes. Em: <http://www.ciat.cgiar.org/riceweb/esp/resultados.htm>; 162 p. consulta: fevereiro 2007.

Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). 2007. Mejoramiento de arroz CIAT, <http://www.fitomejoramientocolombia.org/documentos/Mejoramientodearrozciat.doc>; 27 p. consulta: julho 2008.

Cotes, J.M. 2004. Análise Bayesiana da interação genótipo-ambiente na seleção de genótipos por estabilidade fenotípica e por rendimento-estabilidade. Tese Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Estadual Paulista, Brasil. 64 p.

Cotes, J.M., J. Crossa, A. Sanches, and P.L. Cornelius. 2006. A Bayesian approach for assessing the stability of genotypes. *Crop Science* 46(6): 2654-2665.

Cruz, C.D., A.J. Regazzi e P.C. Souza. 1997. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético, volume 1. Segunda edição. Editora UFV, Viçosa. 390 p.

Franquet, M. y C. Borrás. 2004. variedades y mejora del arroz (*Oriza sativa* L.). Universitat Internacional Catalunya. Cataluña, España. 445 p.

Gelman, A., J.B. Carlin, H.S. Stern and D.B. Rubin. 1995. Bayesian data analysis. Fourth edition. Chapman and Hall, London. 526 p.

Magari, R. and M.S. Kang. 1997. SAS-STABLE: Stability Analyses of Balanced and Unbalanced Data. *Agronomy Journal* 89(6): 929-932.

Mood, A.M., F.A. Graybill and D.C. Boes. 1974. Introduction to the theory of statistics. Third edition. McGraw Hill, Tokyo, Japan. 564 p.

Patterson, H.D. and R. Thompson. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika* 58(3): 545-554.

Yuan, L.P. y X.Q. Fu. 2003. Tecnología para la producción de arroz híbrido, <http://www.fao.org/docrep/003/V4730S/v4730s01.htm#TopOfPage>; consulta: fevereiro 2007.

Piepho, H.P. 1997. Analyzing genotype-environment data by mixed model with multiplicative terms. *Biometrics* 53(2): 761-766.

Piepho, H.P. 1999. Stability análisis using the SAS System. *Agronomy Journal* 91(1): 154-160.

SAS INSTITUTE. 2004. SAS CD ROM versão 9.1.3. SAS/STAT. Cary.

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

Silva, L.C. y A. Benavides. 2001. El enfoque bayesiano: otra manera de inferir. Gac Sanit 15(4): 341-346.

Vázquez, F.J. y M.C. Martel. 2000. Sobre la enseñanza de rudimentos de estadística bayesiana con aplicaciones en economía y empresa. ASEPUMA. Asociación Española de Profesores Universitarios de Matemáticas aplicadas a la

Economía y la Empresa, <http://150.214.55.100/asepuma/sevilla2000/m4-04.pdf>. 8 p.; consulta fevereiro 2008.

Wang, C.S.; J. Rutledge and D. Gianola. 1993. Marginal inferences about variance components in a mixed linear model using Gibbs sampling. Genetics Selection Evolution GSE 25(1): 41-62.