

**ANÁLISE DE ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE VIA TÉCNICA  
BAYESIANA NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO-PIPOCA**

**MAURÍCIO FARIAS COUTO**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO – UENF**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
MARÇO – 2014**

# ANÁLISE DE ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE VIA TÉCNICA BAYESIANA NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO-PIPOCA

**MAURÍCIO FARIAS COUTO**

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Junior

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ  
MARÇO – 2014

# ANÁLISE DE ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE VIA TÉCNICA BAYESIANA NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO-PIPOCA

**MAURÍCIO FARIAS COUTO**

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Aprovada em 24 de março de 2014.

Comissão Examinadora:

---

Prof. Moyses Nascimento (D.Sc., Estatística e Experimentação Agropecuária) – UFV

---

Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Melhoramento de Plantas) – UENF

---

Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF

---

Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior (D.Sc., Genética e Melhoramento) - UENF (Orientador)

À minha mãe Ednalva Farias Couto,  
aos familiares e amigos,  
DEDICO.

## **AGRADECIMENTOS**

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, pela oportunidade concedida para a realização do curso de pós-graduação em nível de doutorado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela bolsa de estudo concedida.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (Faperj), pelo financiamento do projeto.

À Universidade Federal de Viçosa, particularmente ao Programa de Pós-Graduação em Estatística Aplicada e Biometria.

Ao Professor Antônio Teixeira do Amaral Júnior, pela orientação durante o doutorado e o desenvolvimento deste trabalho.

Ao Professor Alexandre Pio Viana, pelas sugestões durante a realização deste trabalho.

Ao Professor Moyses Nascimento, por todo auxílio durante essa jornada e pela amizade.

Ao Daniel, pela presteza e eficiência à frente da secretária do programa.

Ao Sr. Geraldo, pela competência e dedicação à frente do programa de melhoramento do milho pipoca.

Ao amigo Artur Mendes Medeiros, filho de seu Medeiros e Dona Benedita, pela amizade, parceria. Sempre me lembrarei das nossas conversas sobre as escolhas que fizemos na vida, os nossos desabafos no Brazeirinho sobre os

caminhos da pesquisa brasileira, rrsrrsrs, meus sinceros sentimentos de irmandade.

À minha amiga Daniele Pinto, pela amizade que carrego desde o mestrado em Viçosa, por todas as vezes que me acolheu em sua casa, pelas risadas que demos, pelos conselhos, pode ter certeza de que nossa amizade vai romper o tempo e o espaço.

À minha amiga e conterrânea Bianca Machado: você é minha alma gêmea.

À Hérica Oliveira, a paraense mais sentimental que eu conheci, uma amiga para todas as horas, uma filha excepcional. Um dia quero ser o filho pra minha mãe, a filha que você é pra sua (Dona Cleide).

À família nordeste Armando Filho, Artur Medeiros, Fábio Barros, Fabíola Marcolino, Lucas Luz, com vocês a trajetória foi menos penosa.

Aos colegas e amigos Raimundo Nonato, Amanda, Cintia Bento, Cláudia Pombo, Daniela Costa, Marilene Santos, Geovana Entringer, Monique Moulin, Monique Freitas, Railan Ferreira, Pakizza Sherma, meu muito obrigado pelo auxílio, carinho e amizade durante essa jornada.

À minha família, pelo apoio nos momentos difíceis.

A todos que, diretamente ou indiretamente, contribuíram para a conclusão deste trabalho, os meus sinceros agradecimentos.

## SUMÁRIO

RESUMO .....	vii
ABSTRACT .....	ix
1. INTRODUÇÃO .....	1
2. OBJETIVOS .....	4
3. REVISÃO DE LITERATURA.....	5
3.1. Milho Pipoca.....	5
3.2. Melhoramento de milho pipoca .....	6
3.3. Interação genótipo por ambiente.....	8
3.4. Adaptabilidade e estabilidade .....	12
3.5. Metodologias para avaliar adaptabilidade e estabilidade.....	13
3.5.1. Método proposto por Eberhart e Russell (1966) .....	13
3.5.2. Método proposto por Cruz, Torres e Vencovsky (1989).....	14
3.6. Inferência Bayesiana.....	14
3.6.1. Teorema de Bayes.....	14
3.6.2. Distribuição <i>a priori</i> .....	16
3.6.3. Distribuição a posteriori.....	17
3.6.4. Métodos de simulação de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC) ....	18
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	20
4.1. Locais de instalação dos experimentos .....	20
4.2. Material Vegetal .....	21
4.3. Análises Estatísticas .....	22
4.3.1. Análises de variância individual e conjunta.....	22
4.5. Método proposto por Cruz, Torres e Vencovsky (1989) – Uma abordagem Bayesiana. ....	27

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	30
5.1. Análise de variância .....	30
5.2. Adaptabilidade e Estabilidade .....	31
5.2.1. Eberhart e Russel Bayesiano .....	31
5.2.2. Método proposto por Cruz, Torres e Vencovsky (1989) – Uma abordagem Bayesiana .....	39
6. CONCLUSÕES .....	42
REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA.....	43

## RESUMO

COUTO, Mauricio Farias; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Março, 2014. Análise de estabilidade e adaptabilidade via técnica Bayesiana na seleção de genótipos de milho pipoca. Orientador: Antônio Teixeira do Amaral Junior. Co-orientadores: Alexandre Pio Viana e Rogério Figueiredo Daher.

A resposta diferencial dos genótipos à variação do ambiente dificulta a seleção de genótipos amplamente adaptados. Objetivando a seleção de genótipos em diferentes ambientes, foram feitas análises de adaptabilidade e estabilidade, pelas quais se torna possível a identificação de cultivares de resposta previsível, responsivas às variações ambientais, em condições específicas ou amplas. A identificação de genótipos mais estáveis e adaptados de milho-pipoca garante maior previsibilidade de produção, além de contribuir favoravelmente para a comercialização, uma vez que o produtor pode atender melhor à demanda do mercado consumidor, fornecendo grãos com alta capacidade de expansão. O presente trabalho visa ao estudo da aplicação da metodologia bayesiana na análise da interação genótipo/ambiente e seleção de genótipos. Os experimentos foram implantados no ano agrícola 2009/2010, no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro, e no colégio Agrícola de Cambuci (CEAC), região Noroeste; e em 2010/2011 nos municípios de Campos dos Goytacazes, Cambuci e Itaocara, na Estação Experimental da PESAGRO-RIO, em Itaocara, Rio de Janeiro, localizada na região Noroeste Fluminense. O experimento compreendeu cinco ambientes

representativos das regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro. Foram avaliados 16 genótipos, sendo oito híbridos e oito variedades. Os híbridos e as variedades foram cultivados em delineamento em blocos ao acaso, com três repetições, nos três ambientes contrastantes mencionados anteriormente, constituindo 16 tratamentos. Foram avaliadas duas características, rendimento de grãos e capacidade de expansão. As variáveis analisadas foram submetidas à análise de variância, evidenciando significância para genótipos e ambientes, e em relação à interação GA, somente foi significativo quando considerada a variável rendimento de grãos. Para os estudos de adaptabilidade e estabilidade, utilizou-se a característica rendimento de grãos, e os métodos utilizados foram Eberhart e Russel e Regressão Bissegmentada, ambos sob o enfoque Bayesiano. O método de Eberhart e Russel comparou dois modelos, sendo o modelo 1 com *priori* informativas e o modelo 2 com *priori* pouco informativa, ambos os modelos se prestaram à seleção de genótipos nos diferentes ambientes. Quando foram utilizados *prioris* informativas, somente a cultivar Beija Flor foi classificada como de adaptabilidade geral. A cultivar Viçosa foi considerada de adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis e as cultivares Zélia e IAC 112 foram alocadas como específicas para ambientes favoráveis. A classificação foi realizada pelo modelo 2 com *prioris* pouco informativas, e todas as cultivares foram consideradas de adaptabilidade geral. A comparação dos modelos foi realizada via Fator de Bayes, tendo sido necessária sua utilização para melhor informar qual dos dois modelos mostrou maior qualidade de ajuste. Observando os limites de classificação do Fator de Bayes, percebe-se que o Modelo 1, com informação a *priori*, tem forte evidência a seu favor, pois atende ao intervalo de  $10 \leq FB_{ij} < 30$ . O modelo 1, que se utilizou de *prioris* informativas, teve classificação mais realística e fidedigna quando comparado com o modelo 2, o qual se utilizou de *prioris* pouco informativas. Devido à inexistência de trabalhos utilizando o método da Regressão Bissegmentada na seleção de genótipos de milho pipoca, foram utilizadas somente *pioris* pouco informativas, e todas as cultivares em estudo foram alocadas como de adaptabilidade geral.

## **ABSTRACT**

COUTO, Mauricio Farias; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. March, 2014. Eberhart and Russel's Bayesian Method in the Selection of Popcorn Cultivars. Advisor: Antônio Teixeira do Amaral Junior. Co-Advisors: Alexandre Pio Viana and Rogério Daher.

The differential response of genotypes in multiple environments complicates the selection of genotypes adapted widely. The genotype by environment interaction (GE) is undoubtedly the main complicating the work of breeders, being necessary to conduct a large number of evaluations of cultivars in different environments to be secure in selecting or recommending cultivars. Studies on the interaction GE do not provide detailed information on the behavior of each genotype upon environmental changes. Aiming the selection of genotypes in different environments, analyzes of adaptability and stability were performed, by which it becomes possible to identify cultivars predictable behavior and responsive to environmental variation in specific or broad terms. The identification of the most stable and adapted genotypes of popcorn ensures greater predictability of production, and contributes positively to the marketing, once the producer can better meet the demand of the consumer market, providing grains with high scalability. This paper aims to study the application of Bayesian methodology in the analysis of genotype by environment interaction and selection of genotypes with two basic objectives: a) to show the versatility and range of this technique in solving such problems; Specific objectives of this research. It aims to apply the

Bayesian methodology in the context of: i) selection of genotypes for stability and ii) simultaneous selection of genotypes for yield and stability. The experiments were implemented in the agricultural year 2009/2010, in State College Agricultural Anthony Sarlo, in Campos, northern state of Rio de Janeiro region, and the College of Agricultural Cambuci (ECAC), the Northwest region, and in 2010/2011 in the municipalities of Goytacazes, Cambuci Itaocara and, at the Experimental Station of PESAGRO-RIO in Itaocara, Rio de Janeiro, located in Northwest Fluminense region, totaling five representing the north and northwest of the state of Rio de Janeiro regions environments. Sixteen genotypes, eight hybrid -eight varieties were evaluated. Hybrids and varieties were grown in randomized complete block design with three replications in three contrasting environments previously mentioned, constituting 18 treatments. Two characteristics, grain yield and popping expansion were evaluated. The variables analyzed were submitted to analysis of variance, showing significance for genotypes and environments, compared to GA only interaction was significant when considering grain yield. For studies of adaptability and stability we used the characteristic grain yield, and the methods used were Eberhart and Russell and Regression bissegmented, both under the Bayesian approach. The Eberhart and Russel method compared two models, the model 1 with informative priori and model 2 with uninformative priori, both models were adapted to selection of genotypes in different environments. When we used informative priors only the cultivar was classified Beija Flor for as general adaptability, the cultivar Viçosa considered specific adaptability to harsh environments and Zelia and cultivars IAC 112 were allocated as specific to favorable environments. The classification performed by the model 2 with uninformative priors, all cultivars were considered of general adaptability. The comparison of the models was performed via Bayes Factor, and it was necessary to use it to better inform which of the two models showed higher quality of fit. Noting the limits of grading the Bayes factor, we notice that the Model 1, with a priori information, has strong evidence in its favor because it meets the range of  $10 \leq FB_{ij} < 30$ . Model 1 which was used informative priors made more realistic and reliable classification when compared to model 2, which was used for uninformative priors. Due to lack of studies using the method of regression bissegmented in the selection of popcorn maize genotypes, we used only priors uninformative, with all cultivars allocated in studies as being of general adaptability.

## 1. INTRODUÇÃO

Em programas de melhoramento genético de plantas, o objetivo é a obtenção de cultivares que mantenham altos rendimentos nos ambientes a que se destina o cultivo. Para a seleção de cultivares superiores, é necessário considerar a interação genótipo/ambiente (GA) (Fehr,1987; Falconer e Mackay,1996; Bach et al.,2012), definida como a resposta diferencial dos genótipos à variação do ambiente (Crossa, 2012; Bach et al., 2013).

Para atenuar os efeitos da interação GA, é conveniente que os melhoristas conheçam sua magnitude, bem como a identificação de genótipos mais estáveis e de cultivares adaptadas a ambientes específicos (Crossa, 1990; Ransul et al., 2012) Métodos que preveem o desempenho dos genótipos podem melhorar muito a eficiência dos programasde melhoramento genético (Bernardo, 1996; Vieira, et al., 2012).Neste contexto, diversos métodos têm sido descritos para estudar a adaptabilidade e a estabilidade, principalmente com base em modelos de regressão linear (Finlay e Wilkinson, 1963;Tai, 1971; Eberhart e Russel, 1996),regressão bissegmantada (Verma et al., 1978; Cruz et al., 1989), análises não paramétricas (Lin e Bins, 1988; Nascimento et al., 2009) e análise multivariada como o AMMI (aditive main effects and multiplicative interaction analysis) (Gauch, 2006).

Os métodos tradicionais que preveem o desempenho das cultivares em múltiplos ambientes se amparam numa abordagem “clássica” (ou frequentista) da estatística, que estima um ou mais parâmetros a partir de um conjunto de

observações. As variáveis são utilizadas para fazer afirmações sobre um modelo estatístico que se caracteriza em termos de parâmetros que têm um valor "verdadeiro". A descrição de incerteza se dá por meio de distribuição que atribui probabilidade para os valores de todas as variáveis aleatórias do modelo estatístico. Em geral, os valores dos parâmetros desta distribuição são desconhecidos e devem ser inferidos a partir das informações (Soren e Gionola, 2002).

Uma alternativa à inferência estatística clássica é a abordagem Bayesiana, que se baseia nos princípios da verossimilhança e na incorporação de informação *a priori* e se constitui em um procedimento estatístico robusto, com numerosas possibilidades de aplicação (Geweke, 1992; Kass e Raftery, 1995; Meuwissen et al., 2001; Silva et al., 2013). A heterogeneidade de variâncias, o desbalanceamento de dados e o afastamento da pressuposição de normalidade, que são condições restritivas para muitas metodologias, não são fatores limitantes para sua aplicação (Cotes et al., 2006).

O uso da proposta Bayesiana no melhoramento genético de plantas ainda tem sido restrito. Silva et al. (2009) demonstraram que o cálculo de probabilidades genotípicas aumentou a precisão das estimativas de efeitos aditivos e a diminuição da estimativa de erro associado ao modelo Bayesiano. Mora et al. (2009) utilizaram a análise Bayesiana para predição dos valores de herdabilidade em espécies florestais e concluíram que o método Bayesiano permitiu a obtenção de baixos valores de desvio padrão associados à herdabilidade, constituindo-se em importante ferramenta na inferência e avaliação genética de espécies perenes. Balestre et al. (2012) realizaram mapeamento Bayesiano em múltiplas características de milho, salientando a importância dos efeitos pleiotrópicos no estudo da herança de características quantitativas. Silva et al. (2013) utilizaram a metodologia Bayesiana na seleção de famílias de cana-de-açúcar e concluíram que as *proiris* informativas influenciam os efeitos genotípicos, bem como a variância e a herdabilidade.

O paradigma de Bayes também tem tido utilização bastante limitada na modelagem GA. O enfoque Bayesiano é geralmente mais trabalhoso e sua obtenção pela forma analítica é bastante difícil, o que dificulta seu uso (Gionola, 1996). Molina et al. (2011) utilizaram a 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). Cotes et al.(2006) propuseram uma abordagem Bayesiana do método de estabilidade fenotípica de Shukla em genótipos de batata, trigo e milho, em múltiplos ambientes. Nascimento et al.(2011) formularam uma abordagem Bayesiana do método de Eberhart e Russel na seleção de genótipos de alfafa. Esses autores observaram que, pela aplicação da metodologia Bayesiana, a seleção dos genótipos em diferentes ambientes ocorre de forma mais acurada quando utilizada informação *a priori*, possibilitando aos programas de melhoramento selecionar os melhores genótipos tanto para ambientes específicos quanto para ambientes de forma geral e irrestrita.

## **2. OBJETIVOS**

### **Objetivo geral**

O presente trabalho visa ao estudo da aplicação da metodologia Bayesiana na análise da interação genótipo por ambiente e seleção de genótipos.

### **Objetivos específicos**

Como objetivos específicos, esta pesquisa tem como finalidade aplicar a metodologia Bayesiana nos contextos de: i) seleção de genótipos por estabilidade; e ii) seleção simultânea de genótipos por rendimento e estabilidade.

### 3. REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1. Milho Pipoca

O milho-pipoca pertence à espécie *Zea mays* L. ssp. *mays*, família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Maydeae. Acredita-se que, muito antes da chegada de Colombo, os índios comiam pipoca. A prática de aquecer e estourar o milho era mais comum entre as tribos da América do Sul e Central do que entre as tribos da América do Norte (Zinsly e Machado, 1987).

No Brasil, durante a década de 90, o plantio comercial de milho-pipoca era considerado modesto, sendo necessário grande volume de importações, sobretudo dos Estados Unidos da América e da Argentina (Galvão et al., 2000). Nesta década, a produtividade de grãos e a capacidade de expansão do milho-pipoca estavam por volta de 2.500 kg/ha e de 20 (v/v), respectivamente. Na segunda metade da mesma década, a produtividade de grãos estava por volta de 3.000 kg/ha (Andrade, 1996). O ensaio nacional de milho pipoca, realizado em 1991/1992, apresentou média geral de 2.075 kg/ha, tendo a melhor cultivar produzido 3.058 kg/ha. A capacidade de expansão (v/v) nesses ensaios teve valor médio de 17,5 e maior valor de 20,08 (Sawazaki, 1996). Coimbra et al. (2002), trabalhando com populações de milho-pipoca DFT-1 Ribeirão, do programa de milho da UFV, obtiveram produtividade de 4.924 kg/ha sob irrigação. Galvão et al. (2000), avaliando híbridos de milho-pipoca em Viçosa, obtiveram produtividade de até 5 mil kg/ha de grãos. Segundo Vilela et al. (2005), na década de 90, as

importações chegaram a 75% da demanda de milho pipoca, sendo o consumo estimado em 80 mil toneladas.

Mudanças no mercado da cultura do milho-pipoca ocorreram a partir do ano 2000, tendo havido redução na importação de grãos, segundo informações das empresas empacotadoras. A redução na importação é decorrente do cultivo de híbridos norte-americanos, aqui registrados, em regime de parceria entre produtores e empresas.

As principais regiões produtoras de milho-pipoca no Brasil são regiões de Nova Prata – RS e Campos Novos do Parecis – MT (Carvalho et al., 2013). A produção se concentra principalmente no estado de Mato Grosso, onde a área plantada cresceu 63,58% e o volume colhido, 67,39%, considerando que em 2012 foram ocupados 26,356 mil hectares com milho-pipoca e colhidas 102,221 mil toneladas, segundo informações do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). Segundo o sindicato Rural de Campo Novo do Parecis, a presença de grandes empresas empacotadoras na região estimulou a expansão de 20 mil hectares de área plantada, visto terem estas empresas disponibilizado sementes e garantido a compra da safra (EcoFinanças, 2013).

O potencial econômico do milho-pipoca é superior ao do milho comum. De acordo com o Agriannual (2013), o preço médio comercializado na Ceagesp por quilo de milho-pipoca foi de R\$ 1,51, sendo que uma saca de 30kg seria R\$ 45,30. Apesar disto, há carência de cultivares de milho-pipoca no mercado de cereais com características agrônômicas desejáveis, havendo necessidade de intensificar o lançamento de variedades e híbridos comerciais (Rangel et al., 2011).

### **3.2. Melhoramento de milho pipoca**

O milho-pipoca apresenta em sua comercialização uma classificação de mercado dos seguintes tipos: pipoca americana extra, pipoca americana especial, pipoca amarela extra e pipoca amarela especial. Essa classificação de mercado orienta o comércio das principais variedades de milho-pipoca. Existem outras variedades de aceitação local ou regional, que são também comercializadas (Zinsly e Machado, 1978).

A comercialização dos grãos é feita por massa, e uma proporção do produto final é vendida pelo volume (pipoca). Por apresentar essa peculiaridade, a

capacidade de expansão (CE) da pipoca, ou seja, a capacidade de os grãos estourarem sob ação do calor, é um dos fatores mais importantes quando se faz referência à sua qualidade.

A capacidade que o milho tem de expandir seus grãos se deve à volatilização da água presente nos grânulos de amido do endosperma e ao aumento da pressão interna (Weatherwax, 1922). Quando o grão do milho-pipoca é submetido ao aquecimento, seu amido tem a propriedade de se expandir. Essa mudança de estado da matéria está associada ao aumento gradual que ocorre no interior do endosperma. A pressão interna do grão aumenta até o ponto em que ocorre a explosão, quando a temperatura chega a aproximadamente 180°C e a pressão atinge 930,8 Kpa (Silva, 1993).

Valores elevados de expansão são observados devido à existência de uma alta proporção de endosperma translúcido (duro) e, portanto, menor quantidade de endosperma opaco (mole) (Alexander e Creech, 1977). A combinação entre os diferentes tipos de amido no grão, principalmente devido ao amido contido no endosperma translúcido, permite a ocorrência da expansão sob a ação do calor, enquanto o amido contido no endosperma opaco permanece relativamente sem alteração (Dofing et al., 1991).

A capacidade de expansão (CE) da pipoca é um dos fatores mais importantes quando se faz referência à sua qualidade, havendo concordância entre melhoristas de milho-pipoca de que o valor mínimo para a capacidade de expansão, para lançamento, é de 30 mL.g<sup>-1</sup>. Em relação aos componentes genéticos, a capacidade de expansão é afetada por genes com efeito de aditividade (Dofing et al., 1991; Larish e Brewbaker, 1999; Pacheco et al., 1998; Pereira e Amaral Júnior, 2001).

De acordo com Machado (1997), fatores ambientais, como temperatura de secagem, presença ou não de danos mecânicos no pericarpo, teor de umidade inicial na colheita, teor de umidade final depois da secagem, propriedades físicas (como tamanho do grão e massa específica) e idade fisiológica dos grãos, têm influência direta sobre a capacidade de expansão.

No melhoramento de milho-pipoca, devem ser considerados os interesses dos agricultores e dos consumidores. Ao produtor interessa elevada produtividade, ao consumidor importa alta capacidade de expansão, que confere à pipoca melhor maciez e textura. Porém, a capacidade de expansão é

negativamente correlacionada com a produção de grãos (Dofin et al., 1991; Andrade, 1996; Daros et al., 2004).

O melhoramento do milho-pipoca nos EUA desde a década de 30 priorizou a obtenção de milho híbrido, responsável pelo grande progresso obtido nessa cultura para produtividade e capacidade de expansão (Sawazaki, 2001). No Brasil, o primeiro programa de melhoramento de milho-pipoca teve início em 1932, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC). A primeira variedade foi lançada em 1941, derivada de dois ciclos de seleção massal da população base *South American Mushroom*, originada da *South American*, introduzida nos Estados Unidos na década de 1920. No entanto, os estudos de melhoramento no Brasil só foram retomados no início da década de 1980, culminando com o lançamento do híbrido simples modificado IAC-112 em 1988, derivado de uma combinação de linhas da variedade SAM com linhas do intervarietal Guarani híbrido x UFV Amarelo (Sawazaki, 2001; Rangel et al., 2008).

Atualmente, instituições e universidades públicas como a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), a Universidade Federal de Viçosa (UFV), a Universidade Federal de Lavras (UFLA), a Universidade Estadual de Maringá (UEM), a Universidade Estadual de Londrina (UEL), a Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRS), a Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ), o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e a Embrapa Milho e Sorgo (CNPMS) têm mantido programas de melhoramento de milho-pipoca, visando a diminuir a dependência de genótipos importados, principalmente da Argentina e Estados Unidos da América (Ribeiro et al., 2012).

Aos híbridos norte-americanos aqui registrados por empresas como a Yoki Alimentos S.A.®, só têm acesso os produtores parceiros da empresa (Rangel et al., 2011).

Como exemplares desses híbridos podem ser citados: P 608, P 608 HT, P 618, P 621, P 625, AP 22217 HT, AP 2501, P 226 HT, AP 8201, P 802, AP 6002, AP 6002, AP 8202 e AP 4505 (Freitas Júnior et al., 2009)

### **3.3. Interação genótipo por ambiente**

As condições edafoclimáticas, associadas a práticas culturais, à ocorrência de patógenos e a outras variáveis que afetam o desenvolvimento das plantas, são coletivamente chamadas de ambiente. Em outras palavras, o

ambiente é constituído de todos os fatores que afetam o desenvolvimento da planta que não são de origem genética (Borém e Miranda, 2013).

O caráter de um indivíduo é o conjunto de informações biológicas que o identificam e de diferentes manifestações de um dado caráter que define o fenótipo.

O fenótipo é produto dos efeitos genéticos e do ambiente, na maioria das vezes não independentes, resultando então na falta de consistência de um ambiente para o outro (Carneiro, 1998). Assim, uma variedade extremamente produtiva em um ambiente pode não se sobressair em outro.

Allard e Bradshaw (1964) definiram a resposta relativa dos genótipos em relação à variação dos ambientes em dois tipos: previsível e imprevisível. A primeira categoria inclui todos os fatores permanentes do ambiente, como as características gerais do clima e tipo de solo e também as características do ambiente, que variam de uma maneira sistemática, como o comprimento do dia. Inclui ainda os aspectos do ambiente determinados pelo homem, como data de plantio, densidade, método de preparo do solo e colheita, entre outros. A segunda categoria inclui as flutuações variáveis do ambiente, como quantidade e distribuição de chuvas, variações na temperatura, entre outras (Cruz e Carneiro, 2012).

Contudo, na avaliação deste fenótipo em mais de um ambiente, a manifestação fenotípica será influenciada por um novo componente resultante da interação dos genótipos por ambientes (GA). A interação genótipo/ambiente é decorrente da variação do desempenho dos genótipos nos vários ambientes, isto é, reflete as diferentes sensibilidades dos genótipos às mudanças do ambiente (Ramalho et al., 1993).

Na concepção de Duarte & Vencovsky (1999), a interação GA definida como a resposta diferencial dos genótipos à variação do ambiente dificulta a seleção de genótipos amplamente adaptados, uma vez que esse fenômeno avalia a resposta diferencial dos genótipos e relação à variação do ambiente. Outra consequência negativa é a subestimação de ganhos genéticos esperados com a seleção em consequência de desvios nas estimativas de variância genética, elevando assim as chances de insucesso no programa de melhoramento.

A natureza da interação deve ser atribuída a fatores fisiológicos e bioquímicos próprios de cada cultivar. Em termos genéticos, a interação ocorre

quando a contribuição dos genes que controlam seu caráter ou seu nível de expressão difere entre os ambientes. Isso porque quando um mesmo conjunto de genes se expressa em diferentes ambientes, as diferenças nas respostas podem ser explicadas pela heterogeneidade das variâncias genéticas e experimentais ou por ambas; e quando diferentes conjuntos de genes se expressam em ambientes distintos, as diferenças nas respostas são explicadas por uma inconsistência nas correlações genéticas entre os valores de um mesmo caráter em dois ambientes (Falconer, 1996).

A interação genótipo/ambiente é, por vezes, o principal complicador do trabalho do melhorista. Como o valor genotípico pode não ser coincidente nos diferentes ambientes, é necessário que se faça um grande número de avaliações das cultivares nos diferentes ambientes para segurança na seleção ou na recomendação de cultivares.

Quanto à interação entre genótipos e ambientes, podem ocorrer três situações: ausência de interação, interação do tipo simples e interação do tipo complexa. Somente essa última causa problemas para a recomendação de genótipos aos produtores, pois indica a inconsistência da superioridade dos genótipos frente às variações ambientais, dificultando sensivelmente a seleção e a recomendação de cultivares (Cruz et al., 2012).

Segundo Ramalho et al. (1993), considerando um número maior de ambientes e de cultivares, a presença de interação complexa quase sempre indica a existência de cultivares especificamente adaptados a ambientes particulares. Isso impede que a recomendação de cultivares possa ser feita de maneira generalizada, sendo necessárias medidas que controlem ou minimizem os efeitos da interação para proceder a recomendações mais seguras. A ocorrência de interação complexa entre as cultivares diminuirá a eficiência dos programas de melhoramento, porque a seleção, em alguns casos, é realizada na média dos vários ambientes, o que não garante a seleção das melhores cultivares para cada ambiente particular.

Para amenizar o efeito da interação genótipos/ambientes, existem pelo menos três meios disponíveis descritos na literatura:

a) identificar genótipos específicos para cada ambiente: embora teoricamente seja possível, esta medida é limitada pela infinidade de ambientes encontrados principalmente em países de clima tropical, o que onera e dificulta as

etapas de produção de sementes e a manutenção de inúmeros genótipos necessários (Ramalho et al, 1993; Carneiro, 1998).

b) realizar zoneamento ecológico: esta opção consiste na subdivisão de uma área heterogênea em sub-regiões mais uniformes, de forma que dentro de uma sub-região as cultivares não mostrem interação significativa com os ambientes. Assim, verifica-se se há padrões de similaridade entre os ambientes, agrupando-os. Porém, esse agrupamento é realizado com base em diferenças macroambientais, tornando-o vulnerável às variações imprevistas, dessa forma, as variações de genótipos por ambientes ainda permanecem elevadas (Carneiro, 1998).

c) identificar cultivares com maior estabilidade fenotípica: esta é a opção que tem sido mais utilizada nos diversos trabalhos de melhoramento, podendo ser aplicada nas mais diversas situações. Ela requer estudos sobre performance genotípica, com base nos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, que procuram identificar cultivares com resposta previsível responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas, obtendo-se, assim, informações para recomendação de cultivares de forma mais criteriosa (Vencovsky e Barriga, 1992; Ramalho et. al., 1993; Cruz et. al., 2012).

Segundo Carneiro (1998), o problema da interação genótipos/ambientes é extremamente complexo, porque, em geral, existem muitos ambientes envolvidos, nos quais há possibilidades de serem introduzidas culturas produtivas e economicamente viáveis. O importante é que cada melhorista decida qual deverá ser o ambiente a receber os genótipos selecionados. Essa decisão pode ser tomada de modo mais eficiente quando os melhoristas conhecem a natureza da interação.

Estudos a respeito da interação genótipos por ambientes, 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, são feitas análises de adaptabilidade e estabilidade, pelas quais se torna possível a identificação de cultivares de comportamento previsível, responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (Cruz et al., 2012).

### **3.4. Adaptabilidade e estabilidade**

Adaptabilidade e estabilidade, embora sejam fenômenos relacionados, não devem ser considerados um só (Vencovsky e Barriga, 1992). Marioti et al. (1976) designaram adaptabilidade como a capacidade potencial dos genótipos de responderem vantajosamente ao estímulo ambiental. A estabilidade, por outro lado, seria a capacidade de um genótipo exibir um desempenho o mais constante possível, em função de variações na qualidade ambiental.

Verma et al. (1978) definiram a cultivar ideal como aquele que apresenta alta capacidade de produção, associada à alta estabilidade em ambientes desfavoráveis e à capacidade de respostas à melhoria das condições de ambiente. A estabilidade de comportamento de uma cultivar é definida como a previsibilidade de sua adaptabilidade.

A estabilidade de resposta de um genótipo, conforme Cruz e Carneiro (2003), também pode ser definida como a previsibilidade de sua adaptabilidade ou, em termos estatísticos, como o ajuste do genótipo ao modelo adotado.

Para Eberhart e Russel (1966), adaptabilidade se refere à capacidade de os genótipos aproveitarem vantajosamente os estímulos do ambiente. Cruz et al. (2004) conceituaram adaptabilidade da mesma forma e acrescentaram que estabilidade se refere à capacidade de os genótipos mostrarem um comportamento altamente previsível em função de mudanças ambientais.

Becker (1981) caracterizou estabilidade em dois tipos: estabilidade biológica ou homeostática e estabilidade agrônômica. A estabilidade, no sentido biológico, é aquela em que a cultivar mantém uma produtividade constante entre ambientes. A estabilidade agrônômica é aquela em que a cultivar produz bem em relação ao potencial produtivo dos ambientes testados.

Lin et al. (1986) propuseram conceitos de estabilidade fenotípica em função dos diversos parâmetros de avaliação, em três tipos básicos: tipos 1, 2 e 3. No tipo 1, o genótipo é considerado estável se a variância entre ambientes for pequena, podendo ser mensurada pela estimativa da variância de cada cultivar nos diferentes ambientes. As estatísticas relacionadas ao conceito tipo 1 estão associadas ao conceito de estabilidade no sentido biológico ou estatístico e são altamente dependentes do grupo de ambientes escolhidos, sendo análoga ao conceito de homeostase; têm pouca utilidade para conjuntos de muitos ambientes, podendo ser úteis em áreas geográficas mais restritas. Esse tipo de

estabilidade está associado à resposta relativamente pobre em ambientes de baixas produtividades e baixas produtividades em ambientes altamente produtivos. O tipo 2 é aquele em que o genótipo é considerado estável se sua resposta aos ambientes for paralela à resposta média de todos os genótipos do experimento (Becker, 1981). Esse tipo de estabilidade acompanha o desempenho médio das cultivares frente às variações ambientais, permitindo identificar genótipos estáveis e com potencial para se manter entre os melhores nos ambientes. No tipo 3, o genótipo é considerado estável se a relação entre o quadrado médio do resíduo da regressão pelo índice ambiental for pequena, sendo mensurado pelas metodologias que utilizam a análise de regressão.

### **3.5. Metodologias para avaliar adaptabilidade e estabilidade**

No estudo da estabilidade, há vários procedimentos, sendo a regressão o processo mais utilizado. Ela foi inicialmente proposta por Yates e Cochran (1938), constituindo um dos métodos mais antigos para análise da interação genótipo/ambiente. Esses autores desdobraram essa fonte de variação para cada genótipo, determinando uma regressão linear de produtividade em relação à média de todos eles por ambiente.

#### **3.5.1. Método proposto por Eberhart e Russell (1966)**

Eberhart e Russell (1966) expandiram o método proposto por Finlay e Wilkinson (1963), incluindo um parâmetro de estabilidade denominado desvio da regressão. Por este método, é considerado que um genótipo com coeficiente de regressão superior à unidade tem comportamento melhor em ambientes favoráveis, enquanto um que apresente esse valor abaixo da unidade tem seu comportamento avaliado com desempenho relativamente melhor que outros em ambientes desfavoráveis.

Os autores consideram como genótipo ideal aquele que apresenta alta produção, coeficiente de regressão igual a um e os desvios da regressão os menores possíveis.

Os genótipos com adaptabilidade geral têm coeficiente de regressão  $\beta_{1i}$  estatisticamente igual à unidade, genótipos com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis são aqueles com  $\beta_{1i}$  maior que 1 e genótipos para ambientes desfavoráveis são aqueles com  $\beta_{1i}$  menor que 1. Já a estabilidade é

avaliada pelo componente de variância atribuído aos desvios de regressão  $\sigma_{di}^2$ : os genótipos com alta previsibilidade apresentam  $\sigma_{di}^2$  igual a zero e aqueles com baixa previsibilidade,  $\sigma_{di}^2$  maior que zero (Cruz et al., 2012).

### 3.5.2. Método proposto por Cruz, Torres e Vencovsky (1989)

Verma et al. (1978) propuseram uma metodologia de análise de estabilidade baseada em regressão, porém por meio de duas retas bissegmentadas. Segundo os autores, o genótipo ideal é aquele que associa alta capacidade produtiva, alta estabilidade, pouco sensíveis às condições adversas dos ambientes desfavoráveis, mas capazes de responder satisfatoriamente à melhoria do ambiente.

As metodologias tradicionais são incapazes de reconhecer esse genótipo ideal, uma vez que se avalia um único coeficiente de regressão, que é estimado em uma única análise em que são considerados todos os ambientes testados. Nessas metodologias, o genótipo ideal corre o risco de ser descartado, pois tendo uma dupla inclinação, seus desvios, que deveriam ser examinados nos diferentes ambientes poderiam ser relativamente altos em relação a reta estimada.

A metodologia prevê a estimativa de duas retas de regressão, uma abrangendo os ambientes inferiores e a outra, os ambientes superiores. Essa metodologia foi aperfeiçoada por Silva e Barreto (1985) e, posteriormente, por Cruz et al. (1989). Ela se baseia em uma análise de regressão bissegmentada e tem como parâmetros de estabilidade e adaptabilidade a média  $\bar{b}_{0i}$ , a resposta linear aos ambientes desfavoráveis  $\bar{b}_{1i}$ , a resposta linear aos ambientes favoráveis  $\bar{b}_{1i} + \bar{b}_{2i}$  e o desvio da regressão  $\sigma_{di}^2$  (Ramalho et al., 1993).

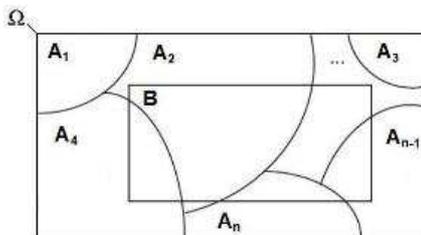
## 3.6 Inferência Bayesiana

### 3.6.1. Teorema de Bayes

O teorema leva o nome de seu criador, Thomas Bayes (1702-1761), um reverendo presbiteriano que viveu no século XVIII na Inglaterra. Dois anos após sua morte, o filósofo Richard Price apresentou à Real Sociedade, uma entidade científica britânica, o artigo intitulado “An essay towards solving a problem in the doctrine of chances” (Ensaio buscando resolver um problema na doutrina das

probabilidades), que, aparentemente, encontrou entre os papéis do reverendo. Nesse artigo, estava a demonstração do famoso teorema de Bayes (Pena, 2006).

O teorema de Bayes foi inicialmente proposto para calcular probabilidades condicionais de eventos sujeitos às seguintes restrições:



i)  $P(A_i \cap A_j) = 0, \forall i, j$

ii)  $P(A_i) > 0, \forall i$

iii)  $\sum_{i=1}^n P(A_i) = 1$

$$P(B) = P(A_1) \cdot P(B|A_1) + P(A_2) \cdot P(B|A_2) + \dots + P(A_n) \cdot P(B|A_n)$$

Logo,

$$P(B) = \sum_{i=1}^n P(A_i) \cdot P(B|A_i)$$

$$P(A_i|B) = \frac{P(A_i \cap B)}{P(B)} = \frac{P(A_i|B) \cdot P(B)}{\sum_{i=1}^n P(A_i) \cdot P(B|A_i)}$$

Após sua publicação, o trabalho caiu no esquecimento até ser redescoberto pelo matemático francês Pierre-Simon Laplace. Nas décadas de 1940-1950, Harold Jeffreys e Savage reformularam o teorema de Bayes para ampliar sua aplicação. Tal formulação teve como objetivo a substituição de eventos por variável aleatória.

Teorema de Bayes sob o enfoque da variável aleatória, sendo X e Y as variáveis aleatórias.

É necessário conhecer a função de probabilidade ou a função densidade de probabilidade em que:

$P(X|Y)$  = É a distribuição de probabilidade de X dado Y;

$P(Y|X)$  = É a distribuição de probabilidade de Y dado X;

$P(X)$  = É a distribuição de X independente de Y; e

$P(Y)$  = É a distribuição de Y independente de X.

A reformulação do teorema de Bayes ampliou sua aplicação, pois o objetivo da estatística é estimar parâmetros e fazer inferência sobre eles, contudo, para estudar os parâmetros, necessita-se de dados amostrais. Ao associar as distribuições de probabilidade das variáveis  $X$  e  $Y$ , respectivamente, às distribuições dos parâmetros ( $\theta$ ) e dos dados ( $Y$ ), tem-se uma nova forma de estimar e fazer inferência sobre tais parâmetros.

$$P(\theta|Y) = \frac{P(Y|\theta) \cdot P(\theta)}{P(Y)}$$

Como o objetivo é estimar  $\theta$ , termos que não têm  $\theta$  são considerados constantes.

$$P(\theta|Y) \propto P(Y|\theta) \cdot P(\theta)$$

$P(\theta|Y)$  é a distribuição do parâmetro, dado  $Y$  (distribuição *a posteriori*).

$P(Y|\theta)$  é a distribuição dos dados, dado  $\theta$  (função de verossimilhança).

$P(\theta)$  é a distribuição do parâmetro independentemente do dado ( $Y$ ).

Pode-se, desta maneira, concluir que a ideia do teorema de Bayes é combinar a informação *a priori* com a informação proveniente dos dados amostrais, ou seja, combinar a distribuição *a priori* e a função de verossimilhança, originando a distribuição *a posteriori*, e tentar medir o grau de incerteza que se tem sobre a ocorrência de um determinado evento amostral. A função de verossimilhança formaliza a contribuição dos dados amostrais para o conhecimento sobre o vetor do parâmetro, visto que ela conecta a distribuição *a priori* à distribuição *a posteriori* (Campos, 2013).

### 3.6.2. Distribuição *a priori*

A distribuição *a priori* representa a distribuição assumida do parâmetro de interesse, independentemente dos dados amostrais observados. A distribuição *a priori* é o único elemento novo na análise bayesiana em relação à frequentista, demarcando a divisão entre as metodologias (Ribeiro, 2001).

Por meio desta distribuição, o pesquisador pode inserir seu grau de conhecimento sobre  $\theta$ , que se traduz nos valores assumidos para a média e para a variância da distribuição em questão (Leandro, 2001; Paulino et al., 2003). A distribuição *a priori* é de natureza subjetiva, entretanto dados experimentais podem ser utilizados nesta etapa. Em estudos prospectivos, *a priori* se apresenta como um mecanismo de atualização da informação. Este conhecimento também pode ser

obtido pelas distribuições a posteriori de estudos anteriores (Mariane-Liotti, 2007).

Exemplo:

$$P(\theta|Y_1) = P(Y_1|\theta) \cdot P(\theta)$$

Na primeira análise, usa-se uma distribuição a priori pouco informativa, na segunda análise, a distribuição a priori será a distribuição a posteriori da primeira análise.

$$P(\theta|Y_2) = P(Y_2|\theta) \cdot P(\theta|Y_1)$$

⋮

n-ésima análise

$$P(\theta|Y_n) = P(Y_n|\theta) \cdot P(\theta)$$

A distribuição a *priori* tem importância maior quando a quantidade (n) de dados experimentais é pequena. Caso contrário, a distribuição *priori* tende a ser dominada, por receber menor peso, pela verossimilhança, assemelhando-se à abordagem frequentista. Em outras palavras, o peso da verossimilhança será maior do que o peso da *priori* se a variância dos dados observados for menor que a variância da *priori*. É importante ressaltar, entretanto, que atribuir probabilidade zero à distribuição a *priori* significa atribuir zero também à distribuição a *posteriori*, pois, neste caso, sendo  $a \text{ posteriori} = \text{priori} \times \text{verossimilhança}$ , não haverá verossimilhança que faça a *posteriori* ser diferente de zero (Resende, 2000).

### 3.6.3. Distribuição a posteriori

A distribuição a posteriori representa a distribuição de probabilidade obtida para o parâmetro de interesse condicionalmente aos dados observados. Ela tem informações sobre  $\theta$  proveniente dos dados e da distribuição a *priori*. Toda inferência sobre  $\theta$  é feita pela distribuição a *posteriori* e o gráfico da função de densidade é a melhor descrição do processo de interesse.

No contexto bayesiano, toda informação presente na distribuição a *posteriori* dos parâmetros pode ser caracterizada pela média, mediana e moda, sendo vistos como potenciais estimadores pontuais. Entretanto, a importância fundamental do caso bayesiano está no fato de que é possível formar regiões de credibilidade para as estimativas dos parâmetros (Gianola e Fernando, 1986). O intervalo de credibilidade expressa de forma probabilística a pertinência ou não de  $\theta$  ao intervalo. Isto não ocorre na inferência clássica para a interpretação do intervalo de confiança, que difere radicalmente. Ao calcular um intervalo

convencional com 95% de confiança, o entendimento é de que se o experimento pudesse ser perfeitamente repetido inúmeras vezes, aproximadamente 95% dos inúmeros intervalos de confiança calculados conteriam o parâmetro de interesse mais desconhecido ( $\theta$ ). Já no caso da abordagem bayesiana, o intervalo de credibilidade de 95% para  $\theta$  é o intervalo delimitado pelos percentis  $\theta_{2,5\%}$  e  $\theta_{97,5\%}$  da distribuição posterior  $p(\theta|Y)$  para  $\theta$  (Kinas e Andrade, 2010).

#### **3.6.4. Métodos de simulação de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC)**

Os métodos de simulação Monte Carlo via cadeias de Markov (MCMC) permitem fazer inferências a partir de distribuições posteriores complexas a que não podem ser aplicadas técnicas de integração analíticas ou numéricas. A ideia é gerar uma cadeia de Markov iterativa através de simulação de Monte Carlo (Gamerman e Lopes, 2006).

Os métodos de Monte Carlo tiveram grande impulso durante a segunda guerra mundial com os esforços conhecidos como Projeto Manhattan, tendo sido feitos vários avanços teóricos, devidamente publicados em periódicos científicos no pós-guerra (Statpop, 2013).

O MCMC foi concebido logo após o método Monte Carlo em Los Alamos. Metropolis et al. (1953) simularam um líquido em equilíbrio com sua fase gasosa. A maneira óbvia de descobrir o equilíbrio termodinâmico é simular a dinâmica do sistema e deixá-lo correr até que ele atinja o equilíbrio. A grande ideia foi a percepção de que eles não precisaram simular a dinâmica exata, bastando simular uma cadeia de Markov com a mesma distribuição de equilíbrio (Geyer, 2011). Nesse trabalho, estavam envolvidos cinco cientistas (matemáticos, físicos e químicos), entre eles Nicolas Metropolis. Posteriormente foi publicado o artigo intitulado Equation of State Calculations by Fast Computing Machines, no periódico científico Journal of Chemical Physics, em 1953.

O método iterativo Monte Carlo foi utilizado pelos irmãos Stuart e Geman, que publicaram o artigo Stochastic relaxation, Gibbs distributions, and the Bayesian restoration of images, na revista de Engenharia IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence. O interesse dos autores estava na construção de imagens que são constituídas de várias unidades, chamadas de pixels. Como a distribuição de interesse é conhecida como distribuição de Gibbs e

a técnica deles era de amostragem dessa distribuição, eles cunharam a técnica chamada amostrador de Gibbs.

Os trabalhos publicados sobre o método iterativo Monte Carlo não despertaram o interesse dos estatísticos até a publicação do artigo *Monte Carlo sampling methods using Markov chains and their applications*, considerado um trabalho chave para o MCMC. Esse artigo foi publicado pelo estatístico canadense W. Keith Hastings. Apesar do trabalho de Hasting, somente na década de 90 a comunidade estatística despertou para as possibilidades de sua aplicação, tendo os estatísticos Adrian Smith e Alan Gelfand publicado um artigo comparando as propriedades do amostrador de Gibbs com outros métodos de simulação Monte Carlo, falando de seus usos na Estatística Bayesiana. O artigo era intitulado *Sampling-Based Approaches to Calculating Marginal Densities* e foi publicado no *Journal of the American Statistical Association*, um dos mais importantes periódicos de estatística (Geyer e Gamerman, 2013).

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1. Locais de instalação dos experimentos

Os experimentos foram implementados no ano agrícola 2009/2010, no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro, situado 21° 45' de latitude sul e 41° 20' W de longitude e 11 m de altitude (Oliveira, 1996), clima classificado como tropical chuvoso, clima de bosque, precipitação média anual de 1023 mm, evapotranspiração potencial de 1601 mm anuais e temperatura média anual de 23° C (Koeppen, citado por Ometto, 1981); e no colégio Agrícola de Cambuci (CEAC), região Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, situado 21° 34' 31" de latitude Sul e 41° 54' 40" de longitude e a 35 m acima do nível do mar, de clima quente e úmido, com temperatura média anual de 25° C e precipitação média anual em torno de 1170 mm; e em 2010/2011, nos municípios de Campos dos Goytacazes, Cambuci e Itaocara, na Estação Experimental da Pesagro-Rio, em Itaocara, Rio de Janeiro, localizada na região Noroeste Fluminense, situada a 21° 39' 12" de latitude Sul e 42° 04' 36" W de longitude e a 60 m de altitude, com temperatura média anual de 22,5° C e precipitação média anual de 1041 mm (Fontes, 2002), totalizando cinco ambientes representativos das regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, Brasil.

## 4.2. Material Vegetal

Foram avaliados 16 genótipos de milho-pipoca (Tabela 1). Os híbridos e as variedades foram cultivados em delineamento em blocos ao acaso, com três repetições, nos três ambientes contrastantes mencionados anteriormente, constituindo 16 tratamentos. Cada parcela foi formada por duas linhas de 12 metros de comprimento, contendo um total de 120 plantas. Foram utilizadas três sementes por cova, a uma profundidade de 0,05 m, sendo realizado o desbaste aos 21 dias após a emergência. A adubação de cobertura e os demais tratamentos culturais foram realizados conforme a recomendação para a cultura (Paula et al., 2010).

**Tabela 1.** Caracterização dos genótipos avaliados em cinco ambientes, no Norte e Noroeste Fluminense.

Genótipos	Tipo	Origem
BRS Angela	Variedade de polinização aberta	Embrapa
UFVM2-Barão de Viçosa	Variedade de polinização aberta	UFV
Viçosa	Variedade de polinização aberta	UFV
Beija Flor	Variedade de polinização aberta	UFV
SAM	Variedade de polinização aberta	-
UNB2U-C3	Variedade de polinização aberta	UENF
UNB2U-C4	Variedade de polinização aberta	UENF
UNB2U-C5	Variedade de polinização aberta	UENF
Zelia	Híbrido triplo	Pionner
Jade	Híbrido triplo	Pionner
IAC 112	Híbrido simples modificado	IAC
P1 X P3	Híbrido simples	UEM/UENF
P1 XP7	Híbrido simples	UEM/UENF
P2 X P4	Híbrido simples	UEM/UENF
P2 X P9	Híbrido simples	UEM/UENF
P3XP7	Híbrido simples	UEM/UENF

As características avaliadas foram o rendimento de grãos, determinado com base na média da parcela por meio de pesagem de grãos, e a CE, determinada em laboratório da seguinte forma: 30g de sementes foram colocadas em um recipiente plástico e levadas ao micro-ondas a 1000W, durante dois minutos e vinte segundos, com três repetições por tratamento. O volume expandido foi medido numa proveta de 2000mL e a CE foi calculada, utilizando a razão entre o volume expandido final (mL) e o peso inicial dos grãos (30g).

### 4.3. Análises Estatísticas

#### 4.3.1. Análises de variância individual e conjunta

Foram utilizados dados de cinco ambientes referentes às safras 2009/2010 e 2010/2011. As características avaliadas foram submetidas à análise de variância conforme o delineamento em blocos casualizados, com 3 repetições, de acordo com o seguinte modelo genético-estatístico (Hallauer e Miranda filho, 1996):

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + e_{ij}$$

Em que:

$\mu$  é a média;

$G_i$  é o efeito do i-ésimo genótipo ( $i = 1, 2, \dots, g$ );

$B_j$  é o efeito do j-ésimo bloco ( $j = 1, 2, \dots, b$ ); (NID, 0,  $\sigma^2_b$ ); e

$e_{ij}$  é o erro experimental NID(0,  $\sigma^2$ ) (Tabela 1).

**Tabela 2.** Análise de variância individual.

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	$b - 1$	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$
Genótipos	$g - 1$	QMG	$\sigma^2 + b\sigma_g^2$
Erro	$(g - 1)(r - 1)$	QME	$\sigma^2$
Total	$rg - 1$		

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância por ambiente e posteriormente verificada a homogeneidade das variâncias residuais (QMRs) pelo teste de Hartley. O modelo adotado para análise conjunta foi:  $Y_{ijk} = \mu + R/A_{k(j)} + G_i + A_j + GA_{ij} + \xi_{ijk}$ ,

Em que:

$Y_{ijk}$  é o valor fenotípico médio da parcela;

$\mu$  é a constante geral;

$R/A_{k(j)}$  é o efeito da  $k^{\text{th}}$  repetição no  $j^{\text{th}}$  ambiente;

$G_i$  é o efeito fixo do  $i^{\text{th}}$  genótipo;

$A_j$  é o efeito do  $j^{\text{th}}$  ambiente NID  $(0, \sigma_{AE}^2)$ ;

$GA_{ij}$  é o efeito da interação do  $i^{\text{th}}$  genótipo no  $j^{\text{th}}$  ambiente NID  $(0, \sigma_{GE}^2)$ ; e

$\xi_{ijk}$  é o erro experimental NID  $(0, \sigma^2)$  (Tabela 2).

**Tabela 3.** Análise de variância conjunta

FV	GL	QM	E (QM)
Bloco	a (r - 1)	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$
Genótipos (G)	g - 1	QMG	$\sigma^2 + r l \sigma_{ga}^2 + ar \phi_g$
Ambientes (A)	a - 1	QMA	$\sigma^2 + g\sigma_b^2 + gr\sigma_a^2$
GxA	(g - 1) (a - 1)	QMGA	$\sigma^2 + r l \sigma_{ga}^2$
Erro	a (r - 1) (g - 1)	QME	$\sigma^2$
Total	gra - 1		

#### 4.4. Método de Eberhart e Russell Bayesiano

Foram avaliadas as duas principais características de importância econômica para a cultura: a capacidade de expansão (CE) em mL g<sup>-1</sup> e o rendimento de grãos (RG) em kg ha<sup>-1</sup>. Para a análise bayesiana, com o objetivo da inserção de informações *a priori*, foram considerados apenas os genótipos avaliados em ao menos dois dos trabalhos dos autores Nunes et al. (2002), Von Pinho et al. (2003), Faria et al. (2010) e Scapim et al. (2010).

O método proposto por Eberhart e Russell (1996) baseia-se na análise de regressão linear simples, que mede a resposta de cada genótipo às variações ambientais. Para um experimento com **g** genótipos, **a** ambientes e **r** repetições, é definido o modelo estatístico  $Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i} I_j + \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$ , em que  $Y_{ij}$  é a resposta do genótipo **i** no ambiente **j**;  $\beta_{0i}$  é a resposta do genótipo **i**;  $\beta_{1i}$  é o coeficiente de regressão que mede a resposta do **i**-ésimo genótipo à variação do ambiente; e  $I_j$  é o índice ambiental codificado. Por esta análise  $I_j = \left( \frac{\sum_j Y_j}{g} - \frac{\sum_i \sum_j Y_j}{ga} \right)$ ,  $\delta_{ij}$  se refere ao desvio da regressão e  $\bar{\epsilon}_{ij}$  NID  $(0, \sigma^2)$  representa o erro experimental médio.

As estimativas de  $I_j$  indicam a qualidade do ambiente, valores negativos identificam ambientes desfavoráveis e valores positivos, os ambientes favoráveis.

Os parâmetros de adaptabilidade são dados por  $\bar{\beta}_{0j} = Y_i$  e  $\bar{\beta}_{1i} = \frac{\sum_j Y_{ij} I_j}{\sum_j I_j^2}$ , enquanto o de estabilidade é expresso por  $\sigma_{di}^2 = \frac{QMD_i - QMR}{r}$ , em que **QMD<sub>i</sub>** é o quadrado

médio do desvio da regressão de cada genótipo e **QMR**, o quadrado médio do resíduo fornecido pela análise da variância (Eberhart e Russel, 1996).

Na abordagem frequentista, em geral empregada, as hipóteses de interesse  $H_0: \beta_{1i} = 1$  versus  $H_1: \beta_{1i} \neq 1$  e  $H_0: \sigma^2_{di} = 0$  versus  $H_1: \sigma^2_{di} > 0$  são avaliadas pelas estatísticas **t** e **F**, respectivamente.

Na abordagem bayesiana, fundamentada no teorema de Bayes - *posterioris* x verossimilhança x *priori* - toda informação a respeito dos parâmetros a serem estimados está contida na distribuição *a posteriori*, que é composta de informações prévias sobre os parâmetros, representadas pela distribuição *a priori*, e de informações contidas nos dados a serem analisados, representadas pela função de verossimilhança.

Ao considerar o modelo estatístico  $Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$  e assumir que cada observação  $Y_{ij}$  tem distribuição  $Y_{ij} \sim N(\beta_{0i} + \beta_{1i}I_j; \sigma^2_i)$ , a função de verossimilhança para cada genótipo *i* é dada por:

$$L_i(\beta_{0i}, \beta_{1i}, \sigma_i^2, Y_{ij}) = \prod_{j=1}^{\alpha} \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_i^2}} \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_i^2} [Y_{ij} - (\beta_{0i} + \beta_{1i}I_j)]^2\right\}$$

$$= \frac{1}{(\sqrt{2\pi\sigma_i^2})^{\alpha}} \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_i^2} \sum_{j=1}^{\alpha} [Y_{ij} - (\beta_{0i} + \beta_{1i}I_j)]^2\right\}, \forall i$$

Para a estimação dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, é necessário atribuir distribuições *a priori* para os parâmetros. Para  $\beta_{0i}$ ,  $\beta_{1i}$  e  $\sigma_i^2$ , foram consideradas as distribuições  $\beta_{0i} \sim N(\mu_{0i}, \sigma_{0i}^2)$ ,  $\beta_{1i} \sim N(\mu_{1i}, \sigma_{1i}^2)$  e  $\sigma_i^2 \sim \text{GammaInv}(\alpha_i, \beta_i)$ , sendo esta última uma gama inversa com média e variância

iguais a  $\frac{\beta_i}{\alpha_i}$  e  $\frac{\beta_i^2}{(\alpha_i - 1)^2(\alpha_i - 2)}$ , respectivamente.

Ao assumir a independência entre os parâmetros dessas distribuições, a *priori* conjunta para cada genótipo foi descrita por:

$$P_i(\beta_{0i}, \beta_{1i}, \sigma_i^2) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_{0i}^2}} \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_{0i}^2} (\beta_{0i} - \mu_{0i})^2\right\} \times \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_{1i}^2}}$$

$$\exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_{1i}^2} (\beta_{1i} - \mu_{1i})^2\right\} \times \frac{1}{(\beta_i^{\alpha_i} \Gamma(\alpha_i))} \left(\frac{1}{\sigma_i^2}\right)^{\alpha_i+1} \exp\left\{-\frac{1}{\beta_i \sigma_i^2}\right\}$$

$$\propto \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_i^2}(\beta_{0i} - \mu_{0i})^2\right\} \times \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_{1i}^2}} \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_{1i}^2}(\beta_{1i} - \mu_{1i})^2\right\}$$

$$\times \left(\frac{1}{\sigma_i^2}\right)^{\alpha_i+1} \exp\left\{-\frac{1}{\beta_i\sigma_i^2}\right\}$$

Para fazer inferências sobre os parâmetros de interesse, é necessário obter suas distribuições marginais *a posteriori*. Ao denotar o vetor de parâmetros para cada genótipo  $i$  por  $\theta_{pi} = (\beta_{1i}, \beta_{2i}, \sigma_i^2)$ , em que  $p = 1, 2, 3$ , a distribuição marginal *a posteriori* para o parâmetro  $\theta_{pi}$  foi obtida pela integral  $P(\theta_{pi} | x) = \int P(\theta_{pi} | x) d\theta_{pi}$ , que se refere à integral em relação a todos os parâmetros do vetor, exceto o  $p$ -ésimo componente.

Na maioria dos casos, essas integrais são complexas e não apresentam soluções exatas. Para contornar esse problema, utilizou-se outra metodologia. Para tanto, obteve-se uma amostra da distribuição conjunta *a posteriori* ao utilizar as cadeias de Markov e o método de Monte Carlo para a obtenção dos momentos de interesse das distribuições marginais (Cassela e George, 1992).

A metodologia está implementada pelo Programa R (R development core team, 2013), e a amostra da distribuição conjunta foi obtida por meio da função `MCMCregress`, do pacote `MCMCpack`. Para avaliar a influência de informações *a priori* na estimação dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, optou-se pela utilização de dois modelos diferentes.

No Modelo 1, foram consideradas distribuições *a priori* informativas, cujas informações se caracterizam pela utilização de informações de trabalhos anteriores, tendo sido considerados os trabalhos de Nunes et al. (2002), Von Pinho et al. (2003), Faria et al. (2010) e Scapim et al. (2010). As informações foram inseridas na análise por meio dos valores assumidos para os parâmetros das distribuições *a priori*, denominados de hiperparâmetros.

Estes valores foram obtidos pela média e variância da amostra composta pelas estimativas dos parâmetros obtidas das referências citadas, o que resultou nas distribuições  $\beta_{0i} \sim N(\mu_{0i} = \bar{\beta}_{0i}, \sigma_{0i}^2 = \text{Var}(\bar{\beta}_{0i}))$ ,  $\beta_{1i} \sim N(\mu_{1i} = \bar{\beta}_{1i}, \sigma_{1i}^2 = \text{Var}(\bar{\beta}_{1i}))$  e  $\sigma_i^2 \sim \text{GammaInv}(\alpha_i, \beta_i)$ , em que  $\bar{\beta}_{0i}$  = médias das estimativas dos  $\beta_{0i}$ ;  $\bar{\beta}_{1i}$  = médias das estimativas dos  $\beta_{1i}$ ;  $\text{Var}(\bar{\beta}_{0i})$  = variância dos valores médios de  $\beta_{0i}$ ;  $\text{Var}(\bar{\beta}_{1i})$  =

variância dos valores médios de  $\beta_{1i}$ ; e  $\alpha_i$  e  $\beta_i$  são valores obtidos da equação do sistema

$$\bar{\sigma}_i^2 = \frac{\beta_i}{\alpha_i - 1}$$

$$Var(\bar{\sigma}_i^2) = \frac{\beta_i^2}{(\alpha_i - 1)^2 + (\alpha_i - 2)}, \text{ que foram}$$

$$\alpha_i = 2 \times \frac{(\bar{\sigma}_i^2)^2}{V(\sigma_i^2)} + 2, \quad \beta_i = 2 \times \frac{(\bar{\sigma}_i^2)^3}{V(\sigma_i^2)} + 1$$

No Modelo 2, foram utilizadas distribuições *a priori* pouco informativas, que representam distribuições de probabilidade com grande variância. Foram adotadas as distribuições  $\beta_{0i} \sim N(\mu_{0i} = 0, \sigma_{0i}^2 = 1000000)$ ,  $\beta_{1i} \sim N(\mu_{1i} = 0, \sigma_{1i}^2 = 1000000)$  e  $\sigma_i^2 \sim \text{GammaInv}(\alpha_i = 0.0001; \beta_i = 5000)$ .

A comparação entre os Modelos 1 e 2, ou seja, entre distribuições *a priori* informativas e pouco informativas, foi feita com base no Fator de Bayes (FB) (Kass e Raftery, 1995; Nascimento et al., 2011), que utiliza valores gerados pelos métodos MCMC para obter as estimativas do fator de normalização  $P(Y|M_p)$ , também denominado de Verossimilhança Marginal, que compõe a expressão do Fator de Bayes:

$$FB_{ij} = \frac{\bar{P}(Y|M_i)}{\bar{P}(Y|M_j)} = \frac{\frac{1}{Q} \sum_{q=1}^Q L(Y|\theta^{(q)}, M_i)}{\frac{1}{Q} \sum_{q=1}^Q L(Y|\theta^{(q)}, M_j)}$$

O termo  $\theta^{(q)}$  indica os valores gerados para os parâmetros na q-ésima iteração ( $q = 1, 2, \dots, Q$ ) para cada um dos modelos comparados. Assim,  $L(Y|\theta^{(q)}, M_p)$  corresponde a valores da função de verossimilhança obtidos pela substituição dos valores atuais dos parâmetros.

O cálculo do Fator de Bayes foi feito por meio da função Bayes Factor, do pacote MCMCpack. De acordo com Jeffreys (1961), o Fator de Bayes pode ser interpretado da seguinte forma:  $FB_{ij} < 1$  demonstra evidência a favor do modelo  $j$ ;  $1 \leq FB_{ij} < 3$  demonstra evidência moderada a favor do modelo  $i$ ;  $3 \leq FB_{ij} < 10$  demonstra evidência substancial a favor do modelo  $i$ ;  $10 \leq FB_{ij} < 30$  demonstra evidência forte a favor de  $i$ ;  $30 \leq FB_{ij} < 100$  demonstra evidência muito forte a favor de  $i$ ; e  $FB_{ij} \geq 100$  demonstra evidência decisiva a favor do modelo  $i$ .

Com relação ao parâmetro de estabilidade ( $\sigma_{dt}^2$ ), as amostras de sua distribuição marginal foram obtidas indiretamente, uma vez que esse parâmetro representa uma função de  $\sigma_t^2$ . Ao obter valores para  $\sigma_t^2$  indiretamente em cada iteração, obtêm-se valores para  $\sigma_{dt}^2$  por meio da expressão  $\sigma_{dt}^2 = \sigma_t^2 - (QMR/r)$ , em que QMR é o quadrado médio do resíduo fornecido pela análise da variância e r é o número de repetições do experimento.

As hipóteses de interesse foram testadas pela construção de intervalos de credibilidade para os parâmetros. Os intervalos foram obtidos diretamente da distribuição marginal *a posteriori* dos parâmetros.

Como o Gibbs sampler é um algoritmo iterativo, faz-se necessária a verificação de sua convergência, que foi constatada, neste trabalho, por meio da aplicação dos critérios de Raftery e Lewis (1992) e Geweke (1992), implementados no pacote BOA (Bayesian Output Analysis), do programa R (R development core team, 2013)

Na análise bayesiana de adaptabilidade e estabilidade, para cada parâmetro do modelo de regressão adotado, foram consideradas 250.000 iterações no algoritmo Gibbs sampler, com um período de aquecimento ("burn-in") de 10.000 iterações. Para a obtenção de uma amostra não correlacionada, considerou-se um espaçamento entre os pontos amostrados de cinco iterações ("thinning"), o que resultou em amostras das distribuições marginais *a posteriori* de cada parâmetro, sobre as quais foi feita inferência de cada parâmetro.

#### **4.5.Método proposto por Cruz, Torres e Vencovsky (1989) – Uma abordagem bayesiana.**

A metodologia proposta por Cruz et al. (1989) consiste numa alteração da proposta por Silva e Barreto (1985), que possibilita estimar os parâmetros de estabilidade e adaptabilidade desprovidos de correlações residuais indesejáveis na escolha e na recomendação dos genótipos avaliados. Baseia-se na análise de regressão bissegmentada e tem como parâmetros de adaptabilidade a média e a resposta linear por ambientes favoráveis e desfavoráveis. A estabilidade dos genótipos é avaliada pelo desvio da regressão de cada genótipo em função das variações ambientais. Nessa metodologia, o índice ambiental é calculado conforme descrito por Eberhart e Russell (1966). São utilizadas as seguintes

medidas para avaliação da adaptabilidade e da estabilidade: média geral  $\hat{\beta}_{0i}$  e as respostas lineares aos ambientes desfavoráveis  $\hat{\beta}_{1i}$ , e os ambientes favoráveis  $\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$  são os estimadores do parâmetro de adaptabilidade. O desvio da regressão ( $\sigma_d^2$ ) da produtividade média sobre os índices ambientais define a estabilidade de resposta dos genótipos a partir do modelo

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \beta_{2i}T(I_j) + \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij},$$

em que:

$I_j$  = índice de ambiente codificado;

$T(I_j) = 0$  se  $I_j < 0$ ; e

$T(I_j) = I_j - I_+$  se  $I_j > 0$ , sendo  $I_+$  a média dos índices  $I_j$  positivos

Também, nesta metodologia, o índice ambiental é calculado conforme descrito por Eberhart e Russell (1966). São utilizadas as seguintes medidas para avaliação da adaptabilidade e da estabilidade:

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

$\beta_{0i}$  = média geral do  $i$ -ésimo genótipo;

$\beta_{1i}$  = resposta do  $i$ -ésimo genótipo à melhoria nos ambientes desfavoráveis;

$\beta_{1i} + \beta_{2i}$  = resposta do  $i$ -ésimo genótipo à melhoria nos ambientes favoráveis;

$\sigma_{di}^2$  = medida da estabilidade ou previsibilidade do  $i$ -ésimo genótipo, baseada no modelo linear bissegmentado; e

$\bar{\epsilon}_{ij}$  = erro experimental médio (NID, 0,  $\sigma^2$ ).

Para análise Bayesiana, ao se considerar o modelo

$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \beta_{2i}T(I_j) + \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$ , assume-se que cada observação  $Y_{ij}$  tem distribuição  $Y_{ij} \sim N(\mu_i, \tau)$ , sendo que  $\mu_i = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \beta_{2i}T(I_j)$ ;  $J[i]=1$  if  $i \leq k$  e  $J[i]=2$  if  $i > k$ .

Para a estimação dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, é necessário atribuir distribuições *a priori* para os parâmetros, logo  $\tau \sim \text{gamma}(0.001, 0.001)$ ,  $\alpha \sim \text{normal}(0, 1.0E-6)$ ,  $\beta \sim \text{normal}(0, 1.0E-6)$ .  $X$ .  $\epsilon \sim \text{uniforme}(-1.3, 1.1)$ .

No modelo, foram consideradas *prioris* pouco informativas para  $\beta_0$ ,  $\beta_1$ ,  $\beta_2$  e  $t$ . A metodologia foi implementada pelo programa OpenBugs.

As hipóteses de interesse foram testadas pela construção de intervalos de credibilidade para os parâmetros. Os intervalos foram obtidos diretamente da distribuição marginal *a posteriori* dos parâmetros.

Devido à utilização de algoritmo iterativo, faz-se necessária a verificação de sua convergência, que foi constatada, neste trabalho, pela aplicação dos critérios de Raftery e Lewis (1992) e Geweke (1992), implementados no pacote BOA (Bayesian Output Analysis) do programa R (R Development Core Team, 2013).

Na análise bayesiana de adaptabilidade e estabilidade, para cada parâmetro do modelo de regressão adotado, foram consideradas 250.000 iterações no algoritmo Gibbs sampler, com um período de aquecimento ("burn-in") de 10.000 iterações. Para a obtenção de uma amostra não correlacionada, considerou-se um espaçamento entre os pontos amostrados de cinco iterações ("thinning"), o que resultou em amostras das distribuições marginais *a posteriori* de cada parâmetro, sobre as quais foi feita inferência de cada parâmetro.

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1. Análise de variância

A análise de variância para rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE) evidenciou significância para as fontes de variação genótipo e ambiente, mostrando variação entre os genótipos e entre os ambientes testados (Tabela 4). Os resultados mostram efeito significativo da interação genótipo por ambientes (GA) apenas em relação a RG, o que indica a existência de uma performance diferenciada dessas cultivares nos ambientes avaliados, entretando, para a variável CE não houve diferenças significativas para a interação GA. Esses resultados contrastam com os encontrados por alguns autores como Faria et al. (2010) e Scapim et al. (2010). Apesar de CE ser uma característica quantitativa, sua expressão é controlada por poucos genes quando comparadas com rendimento de grãos. Li et al. (2008), estudando a relação genética entre capacidade de expansão e dois componentes do rendimento em pipoca utilizando análise de QTL incondicional e condicional, identificaram cinco QTLs relacionados à capacidade de expansão nos grupos de ligação 1, 6 e 8, explicando 45 % da variação fenotípica do caráter. O fato de ter poucos genes relacionados com a variável CE pode indicar que ela sofre menos influência ambiental, o que explicaria a falta de significância da interação GA. Por causa dessas variações, foi necessário um estudo pormenorizado do comportamento dos genótipos por meio da análise de adaptabilidade e estabilidade.

**Tabela 4.** Estimativas de quadrado médio para duas características avaliadas em cinco ambientes, em dezesseis genótipos de milho pipoca.

F.V	DF	QM	
		RG	CE
Repetição/ambiente	10	1188258.06	12.50
Genótipo (G)	15	3308784.39**	316.44**
Ambiente (A)	4	1714511.75**	54.52**
GA	60	775175.81**	7.66 <sup>ns</sup>
Erro	150	333652.88	6.18
QMR <sup>&gt;</sup> /QMR <sup>&lt;</sup>	-	4.11	2.12

RG = rendimento de grãos e CE = capacidade de expansão

\*\* = significativo a 1%

## 5.2. Adaptabilidade e Estabilidade

### 5.2.1 Eberhart e Russel Bayesiano

Para os estudos de adaptabilidade e estabilidade, foram utilizados os dados de rendimentos de grãos devidos à significância da interação G x A para esta variável. Dos 16 genótipos considerados no experimento, apenas quatro foram avaliados em pelo menos dois dos trabalhos usados como referência para a especificação da *priori*. Por isso, somente os quatro genótipos apresentados na Tabela 5 foram considerados para a análise bayesiana.

Os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade foram obtidos pelo cálculo da média *a posteriori*, cujas estimativas estão expostas na Tabela 6, conjuntamente com seus respectivos intervalos de credibilidade. No Modelo 1, em que foram utilizadas *prioris* informativas, dos quatro genótipos avaliadas por meio da metodologia bayesiana, apenas Beija Flor foi considerado de adaptabilidade geral ( $\beta_{1i} = 1$ ), pois o valor de  $\beta_{1i}$  está dentro dos limites do intervalo de credibilidade (IC) de 95 %. O genótipo Viçosa foi classificado como de adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis ( $\beta_{1i} < 1$ ), tendo a estimativa de  $\beta_{1i}$  se alocado também dentro dos limites de intervalo de credibilidade (IC) de 95 %. Os genótipos Zélia e IAC112 foram classificados como de adaptabilidade

**Tabela 5.** Estimativas de estabilidade e adaptabilidade obtidas pela metodologia Eberhart e Russel (1966) baseando-se nas investigações de Nunes et al. (2002), Von Pinho et al. (2003), Faria et al. (2010) e Scapim et al. (2010).

Genótipos	Estimativas de Rendimento, em Kg ha <sup>-1</sup>											
	Nunes et al. (2002)			Von Pinho et al. (2003)			Scapim et al. (2010)			Faria et al. (2010)		
	$\sigma^2$	$\beta_0$	$\beta_1$	$\sigma^2$	$\beta_0$	$\beta_1$	$\sigma^2$	$\beta_0$	$\beta_1$	$\sigma^2$	$\beta_0$	$\beta_1$
Viçosa	32325	2781	1.05	-	-	-	-	-	-	0	2051	0.86
	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	2157	0.84
	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	2188	0.81
Beija Flor	15290	2771	0.58	-	-	-	-	-	-	81159	2034	0.83
	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	1982	1.02
	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	2051	0.91
Zélia	119256	2413	0.71	335922	2710	1.53	273068.2	3805	1.25	39200	2282	1.31
IAC 112	53136	3045	0.49	69235	2728	1.47	-	-	-	82315	2189	1.05

Valores de  $\sigma^2$  negativos foram considerados iguais a zero; Traços significam estimativas não encontradas nos trabalhos pesquisados na literatura.

**Tabela 6.** Estimativas da média a *posteriori* e intervalos de credibilidade (95%) dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, ao considerar *prioris* informativas e não informativas.

Genótipos	$\bar{\beta}_0$	LI $\bar{\beta}_0$	LS $\bar{\beta}_0$	$\bar{\beta}_1$	LI $\bar{\beta}_1$	LS $\bar{\beta}_1$	$\sigma_e^2$	$\sigma_{d_i}^2$	LI $\sigma_{d_i}^2$	LS $\sigma_{d_i}^2$
<i>Prioris</i> informativa										
Viçosa	2297	2261	2333	0.8	0.2	1.4	4.29E+06	317782.4	27182.37	1113782
Beija Flor	2209	2172	2247	1	0.2	1.8	2.20E+08	53173.56	-94396.44	455274
Zélia	2883	2883	28883	1.4	-1	3.9	1.78E+08	67182.37	-54080.4	399782
IAC112	2652	2612	2692	1.3	0.2	2.3	91421.53	0	-49957.63	24282,4
<i>Prioris</i> pouco informativa										
Viçosa	2832	2110.19	3467	1.38	-2.62	5.41	6.28E+05	516582.4	-37187.62	3.00E+06
Beija Flor	2174	1266.68	2977	1.83	-3.25	6.96	1.01E+06	893782.4	9937.26	4.86E+06
Zélia	3033	2573.69	3453	1.83	-0.76	4.43	2.64E+05	152782.4	-80821.24	1.18E+06
IAC112	2667	1638.29	3542	1.57	-4.08	7.24	1.25E+06	1135782	-183919.1	6.07E+06

específica a ambientes favoráveis ( $\beta_{1i} > 1$ ), tendo seus respectivos valores de  $\beta_{1i}$  sido contidos dentro do IC de 95 %.

De acordo com o parâmetro de estabilidade ( $\sigma_{a_i}^2$ ), apenas o genótipo IAC112 apresentou valor de  $\sigma_{a_i}^2$  igual a zero, sendo pertencente ao IC de 95 %, portanto, classificado como de alta estabilidade. Os demais genótipos apresentaram baixa previsibilidade nos ambientes analisados, pois considera-se que as estimativas de  $\sigma_{a_i}^2$  nos limites dos IC de 95 % foram maiores que zero.

No Modelo 2, as *prioris* são pouco informativas. A análise dos genótipos evidencia que todos apresentaram adaptabilidade específica a ambientes favoráveis ( $\beta_{1i} > 1$ ) e baixa estabilidade, pois os valores de  $\sigma_{a_i}^2$  foram maiores que zero e dentro dos limites do IC de 95 %. Os genótipos foram classificadas de acordo com os mesmos critérios considerados no Modelo 1, ou seja, o intervalo de credibilidade.

A incorporação da informação *a priori* no Modelo 1 proporcionou menores limites de intervalos de credibilidade quando comparado ao Modelo 2, o que denota maior acurácia na estimação dos parâmetros e, conseqüentemente, na seleção fidedigna dos genótipos.

Uma análise comparativa dos parâmetros obtidos pelos dois Modelos revela que as estimativas de  $\beta_{1i}$  foram equivalentes para Zélia e IAC112, pois em ambos os Modelos os genótipos foram classificadas como de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis. Houve discordância apenas com relação ao genótipo Beija Flor, que, no Modelo 1, foi considerado de adaptabilidade geral, e no Modelo 2, foi classificado como de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis. O genótipo Viçosa foi classificado no Modelo 1 como de adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis e no Modelo 2, como de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis.

Percebe-se, pois, que a utilização do modelo frequentista, em que não são consideradas as informações *a priori*, tende a alocar genótipos de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis, desfavorecendo a indicação fidedigna de genótipos.

Com relação à estabilidade, houve concordância para a maioria dos genótipos em ambos os Modelos, tendo a única divergência ocorrido para com o genótipo IAC112, que, no Modelo com informação *a priori*, foi classificado como

de alta estabilidade e no Modelo com pouca informação *a priori*, foi classificado como de baixa estabilidade, por ter valor de  $\sigma_{\epsilon}^2$  maior que zero (Tabela 6).

Sendo o Fator de Bayes um método comparativo entre dois Modelos, fez-se necessário sua utilização para melhor informar qual dos dois modelos mostrou maior qualidade de ajuste. Observando os limites de classificação do Fator de Bayes, percebe-se que o Modelo 1, com informação *a priori*, tem forte evidência a seu favor, pois atende ao intervalo de  $10 \leq FB_{ij} < 30$ .

Isto posto, para todas os genótipos, houve maior acurácia das estimativas dos parâmetros quando se considera o Modelo 1, mesmo que as estimativas de estabilidade  $\sigma_{\epsilon}^2$  tenham apresentado concordância para as cultivares Zélia e IAC112. Assim, o Fator de Bayes evidencia que existe superioridade na utilização de *prioris* informativas na construção do Modelo, de forma a obter resultados mais acurados.

Retornando aos trabalhos-base que permitiram as inferências *a priori*, percebe-se que divergências de resultados podem, agora, ser mais bem elucidadas pela abordagem bayesiana. De forma específica, Nunes et al. (2002) consideraram o genótipo Viçosa como de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis ( $\beta_1 > 1$ ), enquanto Faria et al. (2010) classificaram esse mesmo genótipo como de adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis ( $\beta_1 < 1$ ), estando esta última consideração consonante com os resultados da inferência bayesiana. O genótipo Beija Flor foi classificado por Nunes et al. (2002) como de adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis ( $\beta_1 < 1$ ), entretanto, Faria et al. (2010) classificaram esse mesmo genótipo como de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis ( $\beta_1 > 1$ ) e adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis ( $\beta_1 > 1$ ). Quando foi utilizada a abordagem bayesiana, esse genótipo foi classificado como de adaptabilidade geral. Outrossim, o genótipo Zélia foi considerado por Nunes et al. (2002) como de adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis, todavia, os demais autores-base, Von Pinho et al. (2003), Scapim et al. (2010) e Faria et al. (2010), que possibilitaram as informações *a priori*, classificaram Zélia como de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis, estando estes últimos em concordância com os resultados obtidos com o procedimento bayesiano. O genótipo IAC 112 foi considerado como de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis por Von Pinho et al. (2003) e Faria et al. (2010), estando em concordância com a metodologia bayesiana com

incorporação da informação *a priori*, contudo Nunes et al. (2002) o classificaram como de adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis.

Fica, pois, evidente a lógica da acurácia do Fator de Bayes, vez que o modelo frequentista pode produzir resultados não confiáveis na identificação de genótipos com adaptação ampla ou específica, com consequentes perdas econômicas para os produtores.

**Tabela 7.** Valores obtidos para o Fator de Bayes da comparação de modelos com *prioris* informativas (i) e não informativas (j), para os genótipos em estudo.

Genótipos	FB <sub>ij</sub>
Viçosa	13,9
Beija Flor	18,3
Zélia	21,2
IAC112	18,4

### 5.2.1 Comparação entre os métodos Eberhart e Russel frequentista e Bayesiano

A análise de adaptabilidade e estabilidade foi realizada segundo o método Eberhart e Russel, utilizando a metodologia frequentista e a abordagem bayesiana. As estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade feitas pelos método de regressão linear Eberhart e Russel clássico encontram-se na Tabela 8.

As estimativas dos coeficientes de regressão, parâmetro de adaptabilidade, para a maioria dos genótipos, encontram-se acima de uma unidade ( $\hat{\beta}_1 > 1$ ), indicando que apresentaram adaptabilidade específica a ambientes favoráveis, e apenas os genótipos 06, 13, 14, 15, e 16 foram classificados como de adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis ( $\hat{\beta}_1 < 1$ ). Com relação à estabilidade medida pela variância dos desvios da regressão ( $\hat{\sigma}_{di}^2$ ), apenas 4 dos 16 genótipos apresentaram  $\hat{\sigma}_{di}^2$  significativo, mostrando instabilidade de comportamento em relação à variação do ambiente. Assim, a

**Tabela 8.** Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de rendimento de grãos pelo método Eberhart e Russel (1966).

Genótipos	$\beta_0$	$\beta_1$	$\sigma^2_{di}$
BRS Angela	2192,11	1,12	-86.198
UFVM2-Barão de Viçosa	2314,5	1,3	82863,35
Viçosa	2863,55	1,38	116701,09
Beija Flor	2212,19	1,82	26175,29
SAM	1790,56	1,68	-82514,11
UNB2U-C3	2225,14	-1,11	452332,92
UNB2U-C4	2986,93	1,48	-9668,744
UNB2U-C5	3047,58	1,83	-17880,92
Zelia	2509,81	1,21	-78957,23
Jade	2423,52	2,79	-10826,71
IAC 112	2724,4	1,56	351336,66
P1 X P3	3037,78	1,62	151662,58
P1 XP7	2855,46	-0,15	29369,29
P2 X P4	3262,13	0,54	31248,89
P2 X P9	3485,71	0,88	14882,7
P3XP7	3144,9	-1,95	1271031,36

maioria dos genótipos apresentou resposta estável frente às variações do ambiente. Pela metodologia de Eberhart e Russell (1966), considera-se ideal o genótipo que apresenta alta produtividade, adaptabilidade ampla (coeficiente de regressão igual a 1) e alta estabilidade (desvios da regressão não significativos). Portanto, nenhum dos 16 genótipos foi classificado como genótipo ideal.

Os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade foram obtidos pelo cálculo da média *a posteriori* e estão descritos na Tabela 9. A ausência de literatura referente aos parâmetros dos 16 genótipos levou ao uso de *pioris* pouco informativas (distribuição uniforme), assim pode-se comparar a classificação do método de adaptabilidade e estabilidade de Eberhart e Russell clássico com o bayesiano no que se refere aos 16 genótipos de milho pipoca.

A metodologia bayesiana alocou os genótipos da mesma forma que a metodologia clássica, evidenciando que a falta de informações a priori na

**Tabela 10.** Estimativas da média a *posteriori* e intervalos de credibilidade (95%) dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, ao considerar *prioris* não informativas.

Genótipos	$B_0$	LI $B_0$	LSB <sub>0</sub>	$B_1$	LI $B_1$	LSB <sub>1</sub>	$\sigma^2_{di}$	LI $\sigma^2_{di}$	LS $\sigma^2_{di}$
BRS Angela	2189,406	1952,77	2418	1,12	-0,25	2,51	-36654,4	-102.589	361088782,4
UFVM2-Barão de Viçosa	2293	1638,57	2889	1,31	-2,39	5,02	5,32E+08	-48.064	2631888782
Viçosa	2832	2110,19	3467	1,38	-2,62	5,41	6,28E+08	-37.188	3108888782
Beija Flor	2174	1266,68	2977	1,83	-3,25	6,96	1E+09	9.937	4969888782
SAM	1778,12	1536,75	2032	1,68	0,22	3,16	84603124	-101.400	410888782,4
UNB2U-C3	2170	1058,63	3132	-1,1	-7,3	5,14	1,49E+09	70.757	7377888782
UNB2U-C4	2984,65	2799,8	3163	1,48	0,41	2,56	-65749,1	-58.870	219488782,4
UNB2U-C5	3033	2573,69	3453	1,83	-0,76	4,43	2,63E+08	-80.524	1291888782
Zelia	2505,75	2237,52	2761	1,2	-0,33	2,77	-16533,7	-100.261	458788782,4
Jade	2411,56	1943	2849	2,79	1,14	2,85	169960,2	32.828.782	1378888782
IAC 112	2667	1638,3	3542	1,67	1,14	5,48	1,25E+09	38.516	6,183E+65
P1 X P3	2999	2217,16	3673	1,63	-2,66	5,93	7,24E+08	-25.947	3583888782
P1 XP7	2836	2270,99	3344	-0,14	-3,3	3,04	3,92E+08	-65.284	1932888782
P2 X P4	3239	2663,29	3747	0,54	-2,64	3,75	3,99E+08	-64.698	1969888782
P2 X P9	3464	2920,4	3943	0,89	-2,12	3,9	3,55E+08	-69.971	1750888782
P3XP7	2968	1179	4354	-1,94	-11,7	7,82	3,64E+09	336.390	18129888782

bayesiana conduz a estimativas semelhantes à metodologia frequentista. Segundo Resendo (2010), o uso de prioris pouco informativas, pois maior peso será dado à verossimilhança, levaria a metodologia bayesiana a resultados semelhantes à metodologia frequentista.

### 5.2.2. Método proposto por Cruz, Torres e Vencovsky (1989) – Uma abordagem Bayesiana

A metodologia de Cruz et al. baseia-se na análise de regressão bissegmentada, tendo os parâmetros de adaptabilidade: média ( $\beta_0$ ), a resposta linear aos ambientes desfavoráveis ( $\beta_1$ ) e a resposta linear aos ambientes favoráveis ( $\beta_1 + \beta_2$ ). A estabilidade é avaliada pelos desvios de regressão de cada cultivar frente às variações ambientais. Para Cruz et al. (1989), um genótipo ideal seria o que apresentasse média de produção alta, resposta linear aos ambientes desfavoráveis ( $\beta_1$ ) menor que um, resposta linear aos ambientes favoráveis ( $\beta_1 + \beta_2$ ) maior que um e desvios de regressão igual a zero.

Aplicando a abordagem bayesiana, que se baseia no teorema de Bayes –  $P(\theta|Y) = P(Y|\theta) \cdot P(\theta)$ , toda informação a respeito dos hiperparâmetros a serem estimados está contida na distribuição *a posteriori*, que combina a informação *a priori* com a informação proveniente dos dados amostrais, ou seja, combinar a distribuição *a priori* e a função de verossimilhança, originando a distribuição *a posteriori*.

Neste método, foram referenciados os mesmos genótipos supracitados no método de Eberhart e Russel. Os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade foram obtidos pelo cálculo da média a posteriori, cujas estimativas se encontram na Tabela 10. A análise dos genótipos mostrou que todos foram classificados como genótipos ideais por terem apresentado estimativas relacionadas aos ambientes desfavoráveis ( $\beta_1$ ) menor que um e estimativas dos ambientes favoráveis ( $\beta_1 + \beta_2$ ) maior que um.

**Tabela 11.** Estimativas da média *a posteriori* dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, ao considerar *prioris* informativas e não informativas.

Genótipos	$\bar{\beta}_1$	$\bar{\beta}_2$	$\bar{\beta}_1 + \bar{\beta}_2$	$\bar{\sigma}_{di}^2$
Viçosa	-2.16	10.28	8.12	780.5
Beija Flor	-2.35	12.53	10.18	1097
Zélia	-0.36	5.34	4.98	565
IAC112	-3.3	14.04	10.47	1954

O coeficiente de regressão  $(\bar{\beta}_1 + \bar{\beta}_2)$  indica a resposta das cultivares aos ambientes favoráveis. Segundo Vendruscolo et al. (2001), a diferença entre as respostas das cultivares nos ambientes favoráveis  $(\bar{\beta}_1 + \bar{\beta}_2)$  e desfavoráveis  $(\bar{\beta}_{1i})$  é quantificada pelo  $(\bar{\beta}_{2i})$ . Portanto, se  $(\bar{\beta}_{2i})$  não diferir significativamente de zero,  $(\bar{\beta}_{1i})$  e  $(\bar{\beta}_1 + \bar{\beta}_2)$  serão iguais, e o comportamento do genótipo será idêntico nos ambientes favoráveis e desfavoráveis. Nesse caso, seria recomendada uma única equação de regressão para representar o comportamento da cultivar em função da maior simplicidade do modelo.

De acordo com o parâmetro de estabilidade  $(\sigma_{di}^2)$ , todos os genótipos apresentaram baixa previsibilidade nos ambientes analisados, estando os valores de estabilidade dentro dos limites dos IC de 95%. (Tabela 12).

**Tabela 12.** Intervalos de credibilidade dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, ao considerar *priori* não informativas.

Genótipos	$LI\bar{\beta}_1$	$LS\bar{\beta}_1$	$LI\bar{\beta}_2$	$LS\bar{\beta}_2$	$LI\bar{\sigma}_{di}^2$	$LS\bar{\sigma}_{di}^2$
Viçosa	-11.5	3.60	0.62	29.61	356.3	2632
Beija Flor	-13.43	5.60	-2.20	34.18	356.3	3314
Zélia	-9.73	3.64	-2.50	25.71	119.1	2413
IAC112	-21.49	10.68	0.097	47.69	518.8	5923

A inferência bayesiana difere da frequentista pela explícita incorporação na análise da informação prévia que se dispõe sobre os hiperparâmetros. Isso é feito através de uma distribuição de probabilidade. Na abordagem bayesiana do método de Cruz et al. (1989), utilizou-se apenas informação *a priori* pouco informativa, distribuição uniforme, pela falta de estimativas sobre hiperparâmetros publicados na literatura. Neste caso, a distribuição *a priori* é dita não informativa

ou pouco informativa, significando que a densidade *a priori* reflete ignorância sobre os parâmetros estudados (Jeffreys, 1961).

Uma *priori* pouco informativa pode ser especificada por uma distribuição com variância tendendo ao infinito (Gianola e Fernando, 1989) e, neste caso, o maior peso será dado à verossimilhança, assemelhando-se à abordagem frequentista (Resende, 2010), fato que pode ser observado nos genótipos estudados, pois todos foram considerados genótipos ideais. Esses mesmos genótipos foram classificados pelo método de Eberhart e Russel como de adaptabilidade geral, quando o modelo utilizou *priori* pouco informativa. Wang et al. (1993) avaliaram o efeito de quatro níveis de informação *a priori* em dados sob seleção e ilustraram como informações externas podem contribuir com as informações geradas pelos dados. Os autores observaram que as estimativas foram mais precisas quando foram utilizados maiores níveis de informação *a priori*, demonstrando que a análise bayesiana pode ser empregada para incorporar informações externas em uma situação prática de melhoramento animal.

A distribuição *a priori* tem importância maior quando a quantidade (n) de dados experimentais atuais for pequena (Resende, 2010). Como na análise foram utilizados apenas dados de cinco ambientes, fica clara a importância de utilizar *priori* informativa para uma seleção fidedigna dos genótipos em análise. Outro fator a ser considerado são os custos de implantação e condução de experimentos. Com isso, a utilização da abordagem bayesiana com incorporação da informação *a priori*, além de permitir uma seleção fidedigna do material em estudo, pode reduzir os custos nos estudos de adaptabilidade e estabilidade. Essa conclusão pode vir de futuros estudos do número ótimo de ambiente, avaliando os níveis de *priori* informativa nos dados sob seleção.

## 6. CONCLUSÕES

1. O método adaptabilidade e estabilidade de Eberhart e Russel via técnica bayesiana foi eficiente na classificação dos genótipos.
2. Maior acurácia dos resultados foi obtida com a utilização da informação *a priori*.
3. A abordagem bayesiana do método de Cruz, Torres e Vencovsky não conseguiu diferenciar os genótipos, provavelmente pela falta de informação *a priori*.
4. A utilização de *priori* pouco informativa nos dois métodos conduziu a classificação dos genótipos de modo semelhante à estatística frequentista.

## REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

- Allard, R.W. & Bradshaw, A.D. (1964). Implications of genotype-environment interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v.4, n.2, p.503-507.
- Alexander, D.E.; Creech, R.G. Creeding for special industrial and nutritional types. In: SPRAGUE, G.F.; FUCCILLO, D.A. (1977). Corn and corn improvement. Madison: **American Society of Agronomy**,. p.356-363. (Agronomy, 18).
- Andrade, R.A. (1996). **Cruzamentos dialélicos entre variedades de milho pipoca**. Dissertação (mestrado em genética e melhoramento). Viçosa, UFV, 79p.
- AGRIANUAL (2013). **Anuário da Agricultura Brasileira**. FNP Consultoria & Comércio; M&S Mendes & Scotini. Editora Argos, 521p.
- Bach, S.; Yada, R. Y.; Bizimungu, B.; Sullivan, J. A. (2012). Genotype by environment effects on fibre components in potato (*Solanum tuberosum* L.). **Euphytica**. 187, 77-86.

- Bach, S.; Yada, R. Y.; Bizimungu, B.; Fan, M.; Sullivan, J. A. (2013). Genotype by environment effects on Starch content and digestibility in potato (*Solanum tuberosum* L.). **J. Agric. Food Chem.**2013. 61, 3941-3948.
- Bayes, T. An essay towards solving a problem in the doctrine of chances. *Philos. Trans. R. Soc. London*, v.53, 370-418, 1763
- Balestre, M.; Pinho, R. G. V.; Souza Junior, C. L.; Bueno Filho, J. S. de S. (2012). Bayesian mapping of multiple traits in maize: the importance of pleiotropic effects in studying the inheritance of quantitative traits. **Theory Applied and Genetics**. 125, 479-493.
- Becker, H. C. (1981). Correlation among some statistical, measures of phenotypic stability. **Euphytica**, v.30, n.3, p.835-840.
- Bernardo, R. (1996). Best linear unbiased prediction of maize single-cross performance. **Crop Science**.36, 50-56.
- Borém A; Miranda G.V. (2013). **Melhoramento de Plantas**. 5ª ed., Viçosa: UFV, 529p.
- CARNEIRO, P.C.S. **Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. (1998).155f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) -Universidade Federal de Viçosa.
- Brunson, A. M.; Smith, G. M. Hybrid popcorn. (1945) **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v. 37, p. 176-183.
- Carvalho, C., Vencato, A.Z., Kist, B.B., Santos, C., Reets, E.R., Poll, H., Beling, R.R. (2013) **Anuário brasileiro do milho 2013**. Editora Gazeta Santa Cruz, Santa Cruz do Sul, p.128.
- Cassela, G.; George, E. I. (1992). Explaining the Gibbs sampler. **The American Statistician**. 46, 167-174.

CEAGESP – Companhia de Entrepósitos e Armazéns Gerais de São Paulo. (2014). Disponível em: [http://www.ceagesp.gov.br/cotacoes/index\\_html?b\\_start:int=20&grupo\\_nome=Diversos&consultar=Consultar&grupo=4&data=24/01/2014](http://www.ceagesp.gov.br/cotacoes/index_html?b_start:int=20&grupo_nome=Diversos&consultar=Consultar&grupo=4&data=24/01/2014)

Coimbra, R.R.; Miranda, G.V.; Viana, J.M.S.; Cruz, C.D.; Orakami, Dm & Souza, L.V. (2002). Estimation of genetic and prediction of gains for DTF-1 Ribeirão popcorn population. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 2:31-8.

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.

Crossa, J. (1990). Statistical analysis of multilocation trials. **Advances in Agronomy**. 44, 55-85.

Crossa, J. (2012). From genotype x environment interaction to gene x environment interaction. **Current Genomics**., 13, 225-244.

Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2012). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, v.1, 480.

Cruz C. D.; Torres R. A. A.; Vencovsky, R. (1989). An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Rev. Bras. Gen.** 12, 567-580.

Daros, M., Amaral Jr., A.T., Pereira, M.G., Santos, F.S. (2004). Correlações entre caracteres agrônômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho-pipoca. **Ciência Rural**, 34:1389-1394.

Dofing, S.M.; D`Croz-Mason, N.; Thomas-Compton, M.A. (1991). Inheritance of expansion volume and yield in two popcorn x dent corn crosses. **Crop Science**, Madison, 31:715–718.

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

Eberhart S. A.; Russel W. A. (1996) Stability parameters for comparing varieties. **Crop Sci.** 6, 36-40.

EcoFinanças, Produção de milho pipoca. Disponível em: <http://www.ecofinancas.com/noticias/producao-milho-pipoca-cresce-67-mt>

Falconer, D. S.; Mackay, T. F. C. (1996). **Introduction to Quantitative Genetics**, 4th ed.; Logman Group Limited, Endinburgh.

Faria, V.R.; Viana, J. M. S.; Mundim, G. B.; Silva, A. da. C.; Câmara, T. M. M. (2010). Adaptabilidade e estabilidade de populações de milho-pipoca relacionadas por ciclo de seleção [Adaptability and stability of popcorn populations related by selection cycle]. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira.** 45 (12), 1396-1403.

Fehr, W.R. (1987). **Principle of Cultivar Development**, Macmillan, New York.

Finlay, K. W.; Wilkinson, G. N. (1963). The analysis of adaptation in a plant breeding programme. **Aust. J. Agr. Res.** 14, 742-754.

Galvão, J.C.C.; Sawazaki E.; Miranda, G.V. (2000). Comportamento de híbridos de milho-pipoca em Coimbra, Minas Gerais. **Revista Ceres**, Viçosa, (270): 201-218.

Gauch Junior, H. G. (2006). Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. **Crop Science.** 46, 1488-1500.

Gamerman, D.; Lopes, H.F. (2006). **Markov Chain Monte Carlo: stochastic simulation for bayesian inference**. Boca Raton: CRC Press.

- Gianola, D. (1996). **Bayesian analysis with applications to genetics e biology**. Ribeirão Preto: USP, 1996. Class notes of a course taught at the department of genetics, Medical School, University of São Paulo at Ribeirão Preto.
- Gianola, D.; Fernando, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. *Journal of Animal Science*, v.63, p.217-244, 1986.
- Geweke, J. (1992). **Evaluating the accuracy of sampling based approaches to the calculation of posterior moments**. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAVID, A.P.; SMITH, A.F.M. (Ed.). *Bayesian statistics*. New York: Oxford University, Cap.4, p.625-631.
- Grupo de Coordenação de Estatísticas Agropecuárias - GCEA/IBGE (2013) Diretoria de Pesquisas, Coordenação de Agropecuária, Levantamento Sistemático da Produção Agrícola.
- Jeffreys, H. (1961). **Theory of probability**. 3th ed. Oxford: Clarendon.
- Kass, R.E., Raftery, A.E., (1995). Bayes factors. **Journal of the American Statistical Association**. 90, 773-795.
- Kinas, P.G.; Andrade, H.A. (2010). **Introdução à análise Bayesiana (com R)**. ed. maisQnada. Porto Alegre. P.258.
- Larish, L.B.; Brewbaker, J. L. (1999). Diallel analyses of temperate and tropical popcorn. **Maydica**, Bergamo, v. 44, 279-284.
- Li, Y. L.; Dong, Y. B.; Cui, D. Q.; Wang, Y. Y.; Wel, M. G.; Li, X. H. (2008). The Genetic relationship between popping expansion volume and two yield components in popcorn using unconditional and conditional QTL analysis. **Euphytica**. 162, 345-351.
- Lin, C. S.; Binns, M. R. (1988). A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**. 68(1), 193-198.

- Leotti, V.B. **Comparação via simulação dos estimadores clássicos e bayesianos no modelo de coeficientes aleatórios para dados longitudinais**. 2007. 99 f. Dissertação (Mestrado em Epidemiologia) - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, RS, Porto Alegre, 2007.
- Leandro, R.A. (2001). **Introdução à estatística Bayesiana**. In: Reunião Anual da Região Brasileira Internacional de Biometria, 46.; Simpósio de Estatística Aplicada à Experimentação Agrônoma, 9, Piraciaba. Minicurso: ESALQ/USP.
- Machado, P.F. (1997). **Efeitos das condições de colheita e secagem sobre a capacidade de expansão de milho pipoca**. Tese (Mestrado em Fitotecnia) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa, 41p.
- Mariotti, I. A.; Oyarzabal, E. S.; Osa, J. M.; Bulacio, A. N. R.; Almada, G. H. (1976) Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de caña de azúcar. I. Interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronómica del Nordeste Argentino**, Tucumán, v.13, n.14, p.105-127.
- Metropolis, N.; Rosenbluth, M.; Teller, E. (1953). Equations of state calculations by fast computing machines. **Journal of chemical Physics**. V.21. p. 1082-1092.
- Meuwissen, T. H. E.; Hayes, B. J.; Goddard, M. E. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**. 157, 1819–1829.
- Molina, L. M. R.; Sanches, A.; Torres, J. M. C. (2011). Inferência bayesiana na análise de testes regionais de arroz em dois sistemas de cultivo. **Revista Facultad Nacional de Agricultura de Medellín**. 64 (1), 5883-5891.
- Mora, F.; Scapim, C. A.; Pinto, R. J. B. (2009). El análisis bayesiano y la precisión de los valores de la heredabilidad en especies perenes [Bayesian analysis and the accuracy of inheritability values in perennial species]. **Ciência Florestal**. 19(4), 343-349.

- Nascimento, M.; Ferreira, A.; Campana, A. C. M.; Salgado, C. C.; Cruz, C. D. (2009). Multiple centroid methodology to analyze genotype adaptability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. 9, 8-16.
- Nascimento, M.; Silva, F.F.; Sáfyadi, T.; Nascimento, A. C. C.; Ferreira, R. P.; Cruz, C. D. (2011). Abordagem bayesiana para avaliação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de alfafa. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 46, 26-32.
- Nunes, H. V.; Miranda, G. V.; Galvão, J. C. C.; Souza, L. V. de.; Guimarães, L. J. M. (2002). Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho-pipoca por meio de dois métodos de classificação. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**. 1(3), 78-88.
- Pacheco, C.A.P.; Gama, E.P.; Guimarães, P.E.O.; Santos, M.X.; Ferreira, A.S. (1998). Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-42 e CMS-43 de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 33:1995-2001.
- Paula, T.O.M. de.; Amaral Junior, A.T.do.; Gonçalves, L.S.A.; Scapim, C.A.; Peternelli, L. A.; Silva, V.Q.R. da. (2010).  $P_i$  statistics underlying the evaluation of stability, adaptability and relation between the genetic structure and homeostasis in popcorn. **Acta Scientiarum Agronomy**. 32(2), 269-277.
- Paulino, C.D.; Turkman, A.A.; Murteira, B. (2003). **Estatística Bayesiana**, Fundação Calouste Gulbekian, Lisboa, PT.
- Pena, S.D. (2006). Tomas Bayes 'O cara'!. **Ciência Hoje**. 28. Nº 228.
- Pereira, M.G.; Amaral Júnior, A.T. (2001). Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 1:3-10.

- R development core team, *R: a language and environment for statistical computing*. Vienna: R Foundation for Statistical Computing. [http:// www.R-project.org](http://www.R-project.org). (Accessed 10/07 2013).
- Raftery, A. L.; Lewis, S. M. (1992). Comment: one long run with diagnostics: implementation strategies for Markov chain Monte Carlo. **Statistical Science**, 7, 493-497.
- Ramalho, M. A. P.; Santos, J. B.; Zimmermann, M. J. O. (1993). **Genética Quantitativa em Plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia, GO, 271p.
- Rangel R. M.; Amaral Junior. A. T.; Scapim C. A.; Freitas Júnior S. P.; Pereira M.G. (2008) Genetic parameters in parents and hybrids of circulant diallel in popcorn. *Genetics and Molecular Research* Oct 7;7 (4): 1020-1030.
- Rangel, R.M., Amaral Jr., A.T., Gonçalves, L.S.A., Freitas Jr., S.P., Candido, L.S. (2011) Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho-pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. *Revista Ciência Agronômica*, 42:473-481.
- Ransul, G.; Humphereys, G. D.; Wu, J.; Brûlé-Babel, A.; Fofana, B.; Glover K. D. Evaluation of preharvest spouting traits in a collection of spring wheat germplasm using genotype and genotype x environment interaction model. *Plant Breeding*, 2012. 131, 244-251.
- Resende, M.D. (2000). **Inferência Bayesiana e simulação estocástica (amostrador de Gibbs) na estimação de componentes de variância e de valores genéticos em plantas perenes**. Embrapa Florestas. Documento 46
- Ribeiro, M. C. R. 2001. **Alguns aspectos computacionais em estatística Bayesiana**. Dissertação ( Mestrado) - Faculdade de Ciências da Universidade de Lisboa, Lisboa.

- Scapim, C. A.; Pacheco, C. A. P.; Amaral Junior, A. T. do.; Vieira, R. A.; Pinto, R. J. B.; Conrado, T. V. (2010). Correlations between the stability and adaptability statistics of popcorn cultivars. **Euphytica**. 174, 209-218.
- Sawazaki, E. (1996). **Parâmetros genéticos em milho pipoca**. Tese (Doutorado em Melhoramento Vegetal) – Piracicaba – SP, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 157p.
- Sawazaki, E. (2001). A cultura do milho-pipoca no Brasil. **O Agrônomo**, Campinas, 53 (2):11–13.
- Silva, J. G. C.; Barreto, J. N. (1985). Aplicação da regressão linear segmentada em estudos da interação genótipos x ambientes. In: SIMPÓSIO DE EXPERIMENTAÇÃO AGRÍCOLA, 1, 1985, Piracicaba. **Anais...Piracicaba**, SP: ESALQ/USP. p.49-50.
- Silva, M. I. de. S.; Bearzoti, E.; Bueno, J. S. F. (2009). Análise bayesiana do modelo de herança monogênica no melhoramento vegetal: um exemplo com abobrinha [Bayesian approach to the monogenic inheritance model in vegetal improvement: an example in zucchini]. **Ciência e Agrotecnologia**. v.33, n.6, p. 1463-1468.
- Silva, M. A. G. da.; Peternelli, L. A.; Nascimento, M.; Silva, F. L. da. (2013). Modelos mistos na seleção de famílias de cana-de-açúcar aparentados sob o enfoque clássico e bayesiano [Mixed models in the selection of related sugarcane families using classical and Bayesian approaches]. **Revista Brasileira de Biometria**. 31(1), 1-12.
- Silva, T.R.C., Amaral Jr., A.T., Gonçalves, L.S.A., Candido, L.S., Vitorazzi. C., Scapim, C.A. (2013) Agronomic performance of popcorn genotypes in Northern and Northwestern Rio de Janeiro State. *Acta Scientiarum Agronomy*, 35:57-63.

- Silva, F. F.; Viana, J. M. S.; Faria, V. R.; Resende, M. D. V.de. (2013). Bayesian inference of mixed models in quantitative genetics of crop species. **Theor. Appl. Genet.** 126, 1749-1761.
- Sorensen, D.; Gianola, D. (2002). **Likelihood, Bayesian and MCMC methods in quantitative genetics**. Amsterdam: Springer.
- StatPop – Estatística Popular** (2013). Disponível em: <http://statpop.blogspot.com.br/search?updated-max=2013-11-05T09:37:00-02:00&max-results=20>
- Tai, G.C C. (1971). Genotypic stability analysis and its application to potato regional trials. **Crop. Sci.** 11, 184-190.
- Vencovsky, R.; Barriga, P. (1992). **Genética Biométrica no Fitomelhoramento: Sociedade Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, 496p.
- Verma, M.M.; Chahal, G. S.; Murty, B. R. (1978). Limitations of conventional regression analysis a proposed modification. **Theor. Appl. Genet.** 53, 89-91.
- Vieira, R. A.; Scapim, C. A.; Moterle, L. M.; Tessmann, D. J.; Teixeira, A. A.; Gonçalves, L. S. A. (2012). The breeding possibilities and genetic parameters of maize resistance to foliar diseases. **Euphytica.** 185, 325-336.
- Von Pinho, R. G.; Brugnera, A.; Pacheco, C. A. P.; Gomes, M. de. S. (2003). Estabilidade e adaptabilidade de milho-pipoca em diferentes ambientes, no estado de Minas Gerais [Stability and adaptability of popcorn in different environments, in the state of Minas Gerais]. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo.** 2(1), 53-61.
- WANG, C.S.; RUTLEDGE, J.J.; GIANOLA, D. (1993) Marginal inferences about variance components in a mixed linear model using Gibbs sampling. *Genetics Selection Evolution*, v.25, p.41-62.

Weatherwax, P. (1922). The popping of corn. **Ind. Acad. Sci. Proc.** 1921:149 - 153.

Yates, F.; Cochran, W. G. (1938). The analysis of group experiments. **Journal of Agricultural Science**, v. 28, n. 4, p. 556–580

Zinsly, J.R.; Machado, J.A. (1987). Milho pipoca. In: Paterniani, E.; Viegas, G.P. eds. **Melhoramento e produção do milho**. Campinas, Fundação Cargill, p. 413 – 421.