

# **Avaliando genótipos de mostarda com o modelo fator analítico Bayesiano**

**Carlos Pereira da Silva<sup>134</sup>; Luciano Antonio de Oliveira<sup>234</sup>; Cristian Tiago Erazo Mendes<sup>234</sup>; Joel Jorge Nuvunga<sup>234</sup>; Marcio Balestre<sup>234</sup>**

O estudo da interação entre genótipos e ambientes é de suma importância no contexto de programas de melhoramento de plantas e ensaios agronômicos de uma forma geral. Assim, a utilização de métodos eficientes para analisar dados provenientes de ensaios multiambientes (MET) tem motivado diversas pesquisas, objetivando maior confiança em relação a seleção e recomendação de cultivares superiores. O objetivo deste trabalho foi apresentar uma abordagem Bayesiana para os modelos Fatoriais Analíticos (FA) que são amplamente difundidos nos estudos para avaliar adaptabilidade e estabilidade em dados MET. Um conjunto de dados MET com 12 genótipos de mostarda avaliados em 6 ambientes, os ensaios experimentais foi em delineamentos de blocos casualizados com três repetições. Para analisar os dados MET utilizou-se modelo o fatorial analítico (FA) em uma abordagem Bayesiana. Os resultados evidenciaram flexibilidade na abordagem proposta para identificar genótipos mais produtivos, bem como separar subgrupos de genótipos e ambientes no que se refere ao efeito da interação GEI. Além disso, a representações gráficas para regiões de credibilidade bivariadas das cargas e escores fatoriais, juntamente com regiões de credibilidade bivariadas, ajudaram para um maior detalhamento de GEI, e sendo assim proporcionou mais informação para identificação e recomendação de genótipos.

**Palavras-chave:** Bayesiana, Modelo Fatorial Analítico, Multiambiente.

1 DES – UFLA. e-mail: ccpsilva81@hotmail.com

2 DES – UFLA.

3 Agradecimento a Capes pelo apoio financeiro.

4 Agradecimento a Fapemig pelo apoio financeiro.

