

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**COMPARAÇÃO DE MODELOS MISTOS, AMMI E
EBERHART-RUSSEL VIA SIMULAÇÃO NO ESTUDO DA
INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM CANA-DE-
AÇÚCAR**

Guilherme Moraes Ferraudo

Estatístico

2013

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**COMPARAÇÃO DE MODELOS MISTOS, AMMI E
EBERHART-RUSSEL VIA SIMULAÇÃO NO ESTUDO DA
INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM CANA-DE-
AÇÚCAR**

Guilherme Moraes Ferraudo

Orientador: Prof. Dr. Dilermando Perecin

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

2013

Ferraudo, Guilherme Moraes

F381c Comparação de modelos mistos, AMMI e Eberhart-Russell via simulação no estudo da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar / Guilherme Moraes Ferraudo. -- Jaboticabal, 2013

iv, 103 p. : il. ; 28 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2013

Orientador: Dilermando Perecin

Banca examinadora: Michael Keith Butterfield, Antonio Augusto Franco Garcia, Andreia da Silva Meyer, Euclides Braga Malheiros

Bibliografia

1. Melhoramento genético de plantas. 2. Simulação de dados. 3. Métodos de detecção da interação genótipo x ambiente (GEI). 4. Ambiente computacional R. 5. REML/BLUP. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 631.52:633.61

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação – Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal. e-mail: guiferraudo@gmail.com


CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: COMPARAÇÃO DE MODELOS MISTOS, AMMI E EBERHART-RUSSEL VIA SIMULAÇÃO NO ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM CANA-DE-AÇÚCAR


AUTOR: GUILHERME MORAES FERRAUDO

ORIENTADOR: Prof. Dr. DILERMANDO PERECIN


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


Prof. Dr. DILERMANDO PERECIN
Departamento de Ciências Exatas / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal


Prof. Dr. MICHAEL KEITH BUTTERFIELD
Monsanto Brasil / Campinas/SP


Prof. Dr. ANTONIO AUGUSTO FRANCO GARCIA
Universidade de São Paulo / Piracicaba/SP


Prof. Dra. ANDREIA DA SILVA MEYER
Departamento de Ciências Exatas / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal


Prof. Dr. EUCLIDES BRAGA MALHEIROS
Departamento de Ciências Exatas / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Data da realização: 13 de dezembro de 2013.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Guilherme Moraes Ferraudo, nascido em 06 de maio de 1984 na cidade de Botucatu – SP, iniciou em 2002 o curso de graduação em Estatística na Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), câmpus de São Carlos – SP, finalizando-o em 2006. Ingressou no Programa de Pós-Graduação em Estatística da UFSCar em 2007 e concluiu seu mestrado em novembro de 2008. Atuou como estatístico em empresas de consultoria até iniciar seu vínculo com a CanaVialis, atualmente, empresa do grupo Monsanto, no ano de 2008. Desde então, desempenhou a função de pesquisador associado e hoje atua como bioestatístico do programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar e sorgo, além de dar suporte a outras culturas. A análise de dados tem sido a sua principal atividade nessa função.

“Mestre não é quem sempre ensina, mas quem de repente aprende.”

João Guimarães Rosa

Dedico... Aos meus familiares pelos exemplos de amor, dedicação e responsabilidade. Aos meus amigos, principalmente do RANCA e da banda KOLT, pelo companheirismo e conversas de desabafo e rumos futuros. À minha namorada, Laís Enoki da Cunha, pela paciência, companheirismo, motivação e por compartilhar a sua intensa e única maneira de viver.

AGRADECIMENTOS

Ao meu orientador Prof. Dr. Dilermando Perecin pela orientação, paciência e conversas técnicas e temas variados.

Ao time de Melhoramento da CanaVialis pelo incessante apoio técnico e intelectual.

Aos companheiros Endson Santana Nunes e Michael Keith Butterfield pelo suporte, materiais compartilhados e pelas amplas discussões sobre o assunto da tese e outros.

À Monsanto pelo suporte e por ter permitido a realização deste doutorado.

À todos os professores da FCAV – UNESP, câmpus de Jaboticabal, em especial, aos professores Dr. Antonio Sergio Ferraudó (pai, amigo, tutor, conselheiro e muito mais), Dr. João Ademir de Oliveira e Dr. Euclides Braga Malheiros.

À todos os funcionários da FCAV – UNESP, câmpus de Jaboticabal, em especial, Shirley Aparecida Martinelli de Sousa e Norival Ignacio.

Ao aluno e amigo do curso de pós-graduação em genética e melhoramento de plantas, Flávio Cese Arantes.

Ao aluno e amigo do curso de pós-graduação em genética e melhoramento animal, Salvador Boccaletti Ramos.

À aluna e amiga do curso de pós-graduação em medicina veterinária, Mirelle Andréa de Carvalho Picinato.

À CAPES, pela bolsa concedida pelo período de seis meses durante este curso de doutorado.

E, também, àqueles que contribuíram, de alguma forma, para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	II
ABSTRACT	III
LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS	IV
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	10
2.1. Interação Genótipo x Ambiente (GEI).....	10
2.2. Conceitos de estabilidade	12
2.3. Métodos para a avaliação da GEI.....	13
3. MATERIAL E MÉTODOS	28
3.1. Cenários da simulação dos dados	28
3.2. Métodos para avaliação da GEI.....	37
3.2.1. Análise de variância convencional	37
3.2.2. O modelo de Eberhart e Russel (1966)	39
3.2.2.1. Estimadores e testes de significância estatística - Eberhart e Russel (1966)	43
3.2.3. O modelo AMMI	47
3.2.3.1. Determinação do número ótimo de termos multiplicativos no modelo AMMI	50
3.2.3.2. Biplot AMMI.....	53
3.2.4. Modelo misto – REML/BLUP	57
3.3. Critérios para detectar a GEI em cada método	64
3.4. Ambiente computacional para simulação e análise de dados.....	64
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	69
4.1. Tempo de simulação.....	69
4.2. Resultados da simulação	70
5. CONCLUSÃO	83

COMPARAÇÃO DE MODELOS MISTOS, AMMI E EBERHART-RUSSEL VIA SIMULAÇÃO NO ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM CANA-DE-AÇÚCAR

RESUMO – O Brasil é líder mundial na produção de cana-de-açúcar e o maior exportador mundial de açúcar. O aumento da produtividade da cana-de-açúcar se deve a vários fatores sendo um dos principais a obtenção de novas cultivares e a interpretação da interação genótipo por ambiente (GEI), realizado nos estágios finais de seleção dos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar, torna-se essencial durante o processo de obtenção de novos cultivares. Para poder selecionar os melhores genótipos frente à GEI, os genótipos são avaliados em diversos ambientes (locais e anos) e há o interesse em saber qual o melhor genótipo, baseado no desempenho fenotípico de caracteres de interesse, como, por exemplo, a tonelada de cana por hectare (TCH), que é a principal medida de produtividade de cana-de-açúcar. Sendo a GEI um complicador para o melhorista durante a seleção de genótipos superiores, faz-se necessário a utilização de modelos matemáticos ou estatísticos que consigam identificar de maneira eficiente tais genótipos superiores. Geneticistas e biometristas tem utilizado diversos métodos, porém, não existe um consenso. Assim, neste trabalho, a partir de um estudo de simulação realizado no ambiente computacional R, apresenta-se uma comparação entre três métodos: (i) Eberhart-Russel; (ii) AMMI; (iii) e modelo misto (REML / BLUP). Verificou-se a eficiência de cada método na detecção da GEI e discutiu-se as particularidades de cada um deles do ponto de vista estatístico. No total, simularam-se sessenta e três casos os quais consideraram as mais diversas condições para a introdução da GEI, sendo que, cada um dos três métodos, avaliaram mais do que trinta e quatro milhões e vinte mil dados. Assim, a partir dos resultados encontrados neste trabalho pode-se concluir que cada método detecta a GEI de uma maneira diferente e possui suas limitações. Os três métodos detectaram eficientemente a GEI, porém, o modelo misto apresentou maior sensibilidade. Durante a aplicação prática deve-se respeitar as limitações inerentes e verificar as suposições necessárias de cada método.

Palavras-chave: melhoramento genético de plantas, simulação de dados, métodos de detecção da interação genótipo x ambiente (GEI), ambiente computacional R; REML / BLUP.

MIXED MODEL, AMMI AND EBERHART-RUSSEL COMPARISON VIA SIMULATION ON GENOTYPE-ENVIRONMENT INTERACTION STUDY IN SUGAR CANE

ABSTRACT – Brazil is the world leader in sugarcane production, and the largest sugar exporter. Developing new varieties is one of the main factors that contribute to yield increase, and the interpretation of genotype-by-environment interaction (GEI) at the final selection stage is an important consideration in yield estimation. In order to select the best genotypes, varieties are tested in different environments (locations and years), and breeders need to estimate the phenotypic performance for principle traits such as tons of cane yield per hectare (TCH). Since GEI affects breeder selection of superior genotypes it is necessary to use mathematical or statistical models that account for GEI and are able to efficiently identify such genotypes. Geneticists and biometricians have used different methods and there is no clear consensus of the best method. In this paper we present a comparison of three methods, viz. (i) Eberhart-Russel; (ii) AMMI; (iii) and mixed model (REML / BLUP), in a simulation study performed in the R computing environment to verify the effectiveness of each method in detecting GEI, and assess the particularities of each method from a statistical standpoint. In total, 63 cases representing different conditions were simulated, generating more than 34 million data points for analysis by each of the three methods. The results illustrated that each method detects GEI in a different way, and each has some limitations. All three methods detected GEI effectively, but the mixed model showed higher sensitivity. When applying GEI analysis in practice it is important to first verify the assumptions inherent in each model, and respect these limitations in choosing the method to be used.

Keywords: plant breeding, data simulation, genotype-environment interaction (GEI) detection methods, R computing environment; REML / BLUP.

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

- ACP – Análise de componentes principais
- AMMI - Additive Main effects and Multiplicative Interaction
- ANOVA – Análise de Variância univariada
- ATR – Açúcar total recuperável
- BLUE – Best Linear Unbiased Estimator
- BLUP – Best Linear Unbiased Prediction
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento
- CTC – Centro de Tecnologia Canavieira
- DVS – Decomposição por valores singulares
- FAO – Food and Agriculture Organization
- GEI – Interação genótipo x ambiente (Genotype x Environment Interaction)
- GGE – Genotype main effects and Genotype x Environment Interaction
- IAC – Instituto Agronômico de Campinas
- LBM s – Modelo Linear-Bilinear (Linear-Bilinear Models)
- MET – Ensaio s Multi-Ambiente (Multi-Environments Trials)
- MSE – Quadrado médio do resíduo
- MME – Equações de modelo misto (Mixed-Model Equations)
- OCDE – Organização para a Cooperação e Desenvolvimento Econômico
- ONU – Organização das Nações Unidas
- RCV – cenário de simulação 1, aleatório e coeficiente de variação igual a 5%
- REML – Restricted maximum likelihood
- RIDESA - Rede Interuniversitária para o desenvolvimento do setor sucroenergético
- RSD – cenário de simulação 2, aleatório e desvio-padrão igual a 8 t ha⁻¹
- SySD – cenário de simulação 3, sistemático e desvio-padrão igual a 8 t ha⁻¹
- TCH – Tonelada de cana por hectare
- TPH – Tonelada de pol por hectare
- UNICA – União da indústria de cana-de-açúcar
- USDA – United States Department of Agriculture

1. INTRODUÇÃO

Atualmente, a agricultura mundial apresenta cenário desafiador. Este cenário se deve ao crescente número de habitantes que, segundo a estimativa da ONU (2012) é de, aproximadamente, 7 bilhões de habitantes, porém, a área de terras agricultáveis se mantém constante. Além disso, os agricultores precisam maximizar o uso de recursos (solo, águas, insumos e outros) para conseguir produzir, de maneira sustentável, alimentos e energia, concomitantemente (RODRIGUES, 2012). Desta maneira, o agricultor precisa equacionar, de maneira otimizada, os interesses políticos, econômicos, sociais e ambientais nas esferas locais e globais onde se encontra inserido.

Rodrigues (2012) destaca que o Brasil possui um papel muito importante no fornecimento de alimentos e energia para o mundo, devido aos seguintes fatores: (i) extensa área de terras agricultáveis; (ii) tecnologia de produção conservacionista e; (iii) matriz energética onde quase metade dela é renovável. Isto corrobora com a afirmação da OCDE de que o mundo precisará aumentar a sua produção de alimentos em 20% e, para atender essa projeção, a OCDE tem uma previsão de aumento de 40% na produção de alimentos pelo Brasil.

Nesse cenário a cana-de-açúcar, uma espécie semi-perene cultivada em mais de 90 países tropicais e sub-tropicais, se destaca pois consegue gerar alimento e energia para o mundo. Segundo a CONAB (2013), a área cultivada com cana-de-açúcar, colhida na safra de 2012/13, e destinada à atividade sucroalcooleira foi de, aproximadamente, 8.500.000 (oito milhões e meio) hectares, o que torna o Brasil líder mundial na produção de cana-de-açúcar (UNICA, 2013). Na safra 2012/2013 foram moídas 588.915,70 mil toneladas, onde 51% de todo o ATR produzido foi destinado para a produção de etanol e 48,93% destinado à produção total de açúcar. Para ilustrar a importância da cana-de-açúcar do ponto de vista energético para o Brasil, apresenta-se algumas informações obtidas no Relatório-Síntese da Empresa de Pesquisa Energética (2013), empresa vinculada ao Ministério de Minas e Energia. Segundo este relatório, a participação de fontes renováveis na matriz energética brasileira é de 42,4%, significativamente acima da média mundial, calculada em 13,2% pela Agência Internacional de Energia. A repartição da oferta

interna de energia, segundo o Relatório-Síntese (EMPRESA DE PESQUISA ENERGÉTICA, 2013), ocorreu da seguinte maneira: (i) 42,4% para as fontes de energia renováveis e; (ii) 57,6% para as fontes não renováveis. Dentre as fontes de energias renováveis (42,4%) o seguinte cenário: (i) a biomassa da cana é responsável pela maior participação (15,4%); seguida pela energia hidráulica e eletricidade com 13,8% de participação. E, sobre a importância da cana-de-açúcar do ponto de vista da produção de alimentos para o Brasil e para o mundo, os dados do USDA (2012) mostram que, atualmente, o Brasil é o maior exportador mundial de açúcar.

Para a construção e consolidação desse cenário explicitado anteriormente, os programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar, durante anos, tem desempenhado um papel fundamental no fornecimento de matérias-primas (cultivares comerciais) e difusão de conhecimento sobre cana-de-açúcar. No Brasil existem quatro programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar: (i) Instituto Agrônomo de Campinas (IAC); (ii) Rede Interuniversitária para o desenvolvimento do setor sucroenergético (RIDESA); (iii) Centro de Tecnologia Canavieira (CTC) e; (iv) CanaVialis, uma empresa do grupo Monsanto. Além destes quatro programas de melhoramento estão surgindo mais 3 players no mercado de cana-de-açúcar, são eles: (i) AGN Bioenergia; (ii) GranBio; e (iii) Vignis. Estas empresas pretendem trabalhar com o fornecimento da matéria-prima intitulada “cana-energia” (VIOLANTE, 2012). A “cana-energia”, apresenta como características: (i) alto perfilhamento; (ii) alto teor de fibra; (iii) rusticidade e; (iv) baixo teor de açúcar, visando a produção do etanol de segunda geração que pode ser obtido através da biomassa da cana-de-açúcar. Reforçando ainda mais a importância dos programas de melhoramento genético para o setor sucroenergético, Perecin et al. (2009), mostraram que, no período de 1994 a 2006, o progresso genético para o primeiro corte, foi de 1,25 toneladas de cana por hectare por ano (1,16% anual) para a tonelada de cana por hectare (TCH) e de 1,28% anual para tonelada de pol por hectare (TPH) e, para o segundo corte, respectivamente de 0,59% e 1,43%. Segundo Landell e Bressiani (2008), no Brasil, o potencial biológico da produção de cana-de-açúcar é ainda maior e não otimizado, permitindo a busca por avanços expressivos nesta área. O

aumento da produtividade se deve a vários fatores sendo um dos principais a obtenção de novas cultivares.

De maneira geral, o processo de obtenção de cultivares apresenta, no mínimo, quatro estágios de seleção com pelo menos 2 cortes (colheitas) em cada estágio, além de um estágio de validação pré-comercial e, os ensaios de fitotestes e curvas de maturação. Assim, o processo de avaliação, seleção e obtenção de cultivares leva em torno de 10 a 15 anos e está intrinsecamente ligado à estratégia adotada pelo programa de melhoramento. Este processo nos programas de melhoramento apresenta as seguintes características: (i) a população inicial apresenta uma grande quantidade de genótipos, não havendo disponibilidade de material suficiente para ter repetições, o que faz com que a área ocupada por cada genótipo seja pequena e não se tenha quantidade de informação suficiente para se ter um delineamento estatístico adequado; (ii) conforme se avança nos estágios de seleção (anos) o número de genótipos e a variabilidade genética vão diminuindo, enquanto que a quantidade de material disponível e a área ocupada por genótipo aumentam. Isso faz com que haja um aumento da quantidade de informação (número de repetições) permitindo o uso de melhores delineamentos estatísticos; (iii) o delineamento do estágio de seleção seguinte é determinado pelo delineamento do estágio de seleção anterior, devido à quantidade de material necessária para se realizar um experimento. Lembrando que a cana-de-açúcar é uma espécie de propagação vegetativa, a partir da gema.

Segundo Silva e Duarte (2006) os programas de melhoramento de plantas visam à obtenção de genótipos com alta produtividade, estabilidade de produção e ampla adaptabilidade aos mais variados ambientes da região para a qual são recomendados (estudo da interação genótipo por ambiente). Ao olhar para os itens acima nota-se que, somente em estágios de seleção avançados, onde se tem uma maior quantidade de material disponível de cada genótipo avançado, é possível caracterizar os genótipos em relação à interação genótipo por ambiente (GEI). Nos estágios finais, os genótipos são plantados em diversos ambientes (locais e anos) e há o interesse em saber qual o melhor genótipo, baseado no desempenho fenotípico de caracteres de interesse, como, por exemplo, a tonelada de cana por hectare (TCH), que é a principal medida de produtividade de cana-de-açúcar. Crossa (1990)

destaca três objetivos principais para ensaios plantados em vários locais: (i) estimar e prever, com precisão, a produtividade baseado em dados experimentais; (ii) determinar estabilidade fenotípica e o padrão de resposta de genótipos entre ambientes; e (iii) fornecer orientação confiável para selecionar os melhores genótipos para o plantio futuro. Para o melhorista o entendimento das causas da GEI é essencial para a implementação de uma seleção eficiente e locais de avaliação (RAMBURAN; ZHOU; LABUSCHAGNE, 2011), além do manejo varietal (LANDELL et al., 2005) que permite o melhorista caracterizar e recomendar genótipos superiores com base nas informações dos ambientes (cortes, épocas e anos agrícolas).

A complexidade da GEI dificulta o trabalho dos melhoristas em recomendar os genótipos superiores e é um campo de pesquisa onde há muito espaço para os pesquisadores aprofundarem seus estudos. Diversos métodos tem sido utilizado para avaliar a GEI em diferentes culturas, entretanto não há um consenso. Yan e Tinker (2006) relataram que a GEI tem sido de interesse de pesquisa entre biometristas e geneticistas quantitativos desde o início do século XX e, diversos índices de estabilidade foram desenvolvidos para quantificar e selecionar levando-se em conta a GEI. Bastos (2007) acrescenta que diversos métodos de adaptabilidade e estabilidade foram e tem sido desenvolvidos e, ou, aprimorados. Dentre os principais métodos utilizados para avaliar a GEI pode-se destacar: (i) Eberhart-Russel (EBERHART; RUSSEL, 1966); (ii) AMMI (GOLLOB, 1968; GABRIEL, 1971; MANDEL, 1969, 1971; GAUCH, 1988; ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988; Van EEUWIJK, 1995); e (iii) Modelo Misto (HENDERSON, 1975; SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2005; RESENDE, 2007). Encontram-se disponíveis na literatura diversos trabalhos mostrando as aplicações destes três métodos para a avaliação da GEI em cana-de-açúcar (BAJPAI; KUMAR, 2005; BASTOS, 2007; SILVA, 2008; PEREIRA, 2009; CANDIDO, 2009; RAMBURAN; ZHOU; LABUSCHAGNE, 2011) e em diversas culturas (PIEPHO, 1994; BUENO FILHO, 1997; DUARTE; VENCOVSKY, 1999; LAVORANTI, 2003; CARGNELUTTI FILHO et al., 2007; YANG et al., 2009; LEITE, 2011; MALOSETTI et al., 2013), porém, nenhum trabalho contendo estudos de simulação comparando os três métodos (Eberhart-Russel, AMMI e modelo misto) foram encontrados.

Com base no exposto acima, podemos estabelecer as hipóteses:

- i.* Existem diferenças no modo que cada método trabalha com a GEI;
- ii.* Existe diferença quanto à eficiência de cada método na detecção da GEI;
- iii.* Existe alguma condição que torna imprópria a utilização de algum método;

Assim, considerando diferentes cenários obtidos a partir de dados simulados, os objetivos deste trabalho foram:

- i.* Determinar a eficiência de cada método (ER, AMMI e modelo misto) na detecção da GEI;
- ii.* Discutir as particularidades dos mesmos.

Desta forma, verifica-se que, neste trabalho, foi dado ênfase aos métodos e aplicações estatísticas. Por se tratar de um estudo de simulação, não há interesse nos objetivos comuns inerentes à análise da GEI: (i) identificação de genótipos superiores; e (ii) zoneamento agrônômico, com fins de recomendação regionalizada e de seleção de locais de teste.

REFERÊNCIAS

BAJPAI, P. K.; KUMAR, R. Comparison of methods for studying genotype x environment interaction in sugarcane. **Sugar Tech**, New Delhi, v. 7, n. 4, p. 129-135, 2005.

BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; DONDA, L. R.; FORTUNATO, A. A.; COSTA, P. M. A.; FIGUEIREDO, I. C. R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 4, p. 195-203, 2007.

BUENO FILHO, J. S. S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais**. 1997. 118 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

CANDIDO, L. S. **Modelos mistos na avaliação e ordenação de genótipos de cana-de-açúcar, com e sem efeitos de competição com parcelas vizinhas**. 2009. 93 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, 2009.

CARGNELUTTI FILHO, A.; PERECIN, D.; MALHEIROS, E. B.; GUADAGNIN, J. P. Comparação de métodos de adaptabilidade e estabilidade relacionados à produtividade de grãos de cultivares de milho. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 571-578, 2007.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento de safra brasileira: cana-de-açúcar, quarto levantamento, abril/2013**. Brasília, 2013. 18 p. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_04_09_10_30_34_bol_etim_cana_portugues_abril_2013_4o_lev.pdf>. Acesso em: 28 jun. 2013.

CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 44, p. 55-85, 1990. Disponível em: <[http://dx.doi.org/10.1016/S0065-2113\(08\)60818-4](http://dx.doi.org/10.1016/S0065-2113(08)60818-4)>.

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

EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 1, n. 6, p. 36-40, 1966.

EPE. Empresa de Pesquisa Energética. **Balço energético nacional 2013, ano base 2012**: relatório síntese. Rio de Janeiro: EPE, 2013. 55 p. Disponível em: <https://ben.epe.gov.br/downloads/S%C3%ADntese%20do%20Relat%C3%B3rio%20Final_2013_Web.pdf>. Acesso em: 28 jun. 2013.

GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal components analysis. **Biometrika**, Oxford, v. 58, n. 3, p. 453-467, 1971.

GAUCH, H. G. Model selection and validation for yield trials with interaction. **Biometrics**, Chichester, v. 44, n. 3, p. 705-715, 1988.

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

HENDERSON, C. R. Best linear estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, Chichester, v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975.

LANDELL, M. G. A.; PINTO, L. R.; CRESTE, S.; XAVIER, M. A.; DOS ANJOS, I. A.; VASCONCELOS, A. C.; BIDÓIA, M. A. P.; DA SILVA, D. N.; SILVA, M. DE A. Seleção de novas variedades de cana-de-açúcar e seu manejo de produção. **Informações Agrônomicas**, Piracicaba, v. 110, p. 18-24, 2005. Encarte Técnico.

LANDELL, M. G. A.; BRESSIANI, J. A. Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELLOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. **Cana-de-açúcar**. Campinas: IAC, 2008. cap. 5, p. 101-155.

LAVORANTI, O. J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “BOOTSTRAP” no modelo AMMI**. 2003. 166 p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agrônoma) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

LEITE, M. S. O. **Análise multiambientes visando a recomendação regionalizada de clones de cana-de-açúcar**. 2011. 72 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2011.

MALOSSETTI, M.; RIBAUT, J. M.; VAN EEUWIJK, F. A. The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. **Frontiers in Physiology**, Lausanne, v. 4, n. 44, p. 1-17, 2013.

MANDEL, J. The partitioning of interaction in analysis of variance. **Journal of Research of the National Bureau of Standards, Series B**, Hoboken, v. 73, n. 4, p. 309-328, 1969.

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

ONU. Organização das Nações Unidas. **A ONU e a população mundial, 2012.** Disponível em: <<http://www.onu.org.br/a-onu-em-acao/a-onu-em-acao/a-onu-e-a-populacao-mundial/>>. Acesso em: 17 jan. 2013.

PERECIN, D.; LANDELL, M. G. A.; XAVIER, M. A.; DOS ANJOS, I. A.; BIDOIA, M. A. P.; DA SILVA, D. N. Agronomic and genetic progress in sugar-cane breeding program. **Revista Brasileira de Biometria**, São Paulo, v. 27, n. 2, p. 279-287, 2009. Disponível em: <http://jaguar.fcav.unesp.br/RME/fasciculos/v27/v27_n2/Perecin.pdf>.

PEREIRA, E. R. M. S. **Comparação de métodos no estudo da estabilidade fenotípica.** 2009. 70 p. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agrônômica) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

PIEPHO, H. P. Best linear unbiased prediction (BLUP) for regional yield trials: a comparison to additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 89, n. 5, p. 647-654, 1994.

RAMBURAN, S.; ZHOU, M.; LABUSCHAGNE, M. Interpretation of genotype x environment interactions of sugarcane: Identifying significant environmental factors. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 124, n. 3, p. 392-399, 2011. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.fcr.2011.07.008>>.

RESENDE, M. D. V. Estimação e predição em modelos lineares mistos. In: _____. (Ed.). **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético.** Colombo: Embrapa Florestas, 2007. p. 101-170.

RODRIGUES, R. **Cordel do Agro.** São Paulo: FGV Projetos, 2012. 32 p.

SILVA, M. A. Interação genótipo x ambiente e estabilidade fenotípica de cana-de-açúcar em ciclo de cana de ano. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 1, p. 109 - 117, 2008.

SILVA, W. C. J.; DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 1, p. 23-30, 2006.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 143, n. 6, p. 449-462, 2005.

UNICA. União da Indústria de Cana-de-açúcar. **UNICADATA.** <<http://www.unicadata.com.br/>>. Acesso em: 05 jul. 2013.

USDA. United State Department of Agriculture. **World centrifugal sugar: imports and exports**, 2013. Disponível em:

<<http://www.fas.usda.gov/psdonline/psdReport.aspx?hidReportRetrievalName=World+Centrifugal+Sugar%3a+Imports+and+Exports++++++++&hidReportRetrievalID=2225&hidReportRetrievalTemplateID=8>>. Acesso em: 28 jun. 2013

VAN EEUWIJK, F. A. Linear and bilinear models for the analysis of multi-environment trials: I. An inventory of models. **Euphytica**, Dordrecht, v. 84, p. 1-7, 1995.

VIOLANTE, M. H. S. R. **Potencial de produção de cana-energia em áreas agrícolas marginais no Brasil**. 2012. 113 f. Dissertação (Mestrado em Agroenergia) – Escola de Economia de São Paulo, Fundação Getúlio Vargas, São Paulo, 2012.

YAN, W.; TINKER, N. A. Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 86, n. 3, p. 623-645, 2006. Disponível em: <<http://pubs.aic.ca/doi/pdfplus/10.4141/P05-169>>.

YANG, R. C.; CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L.; BURGUEÑO, J. Biplot analysis of genotype x environment interaction: proceed with caution. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 1564-1576, 2009. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2008.11.0665>>.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analysis of yield trial. **Agronomy Journal**, Madison, v. 80, n. 3, p. 388-393, 1988.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Interação Genótipo x Ambiente (GEI)

Muito dos caracteres (variáveis aleatórias na terminologia estatística) que são importantes economicamente nas diversas culturas são de natureza quantitativa como, por exemplo, a produtividade, que pode ser expressa em toneladas por hectare. Os caracteres quantitativos são estudados com medidas estatísticas de tendência central (por exemplo, a média) e dispersão (por exemplo, a variância) em vez de razões fenotípicas ou padrões de herança. O mais importante, talvez, é o fato de que os caracteres quantitativos são controlados pela ação conjunta de muitos genes (BERNARDO, 2010). A expressão dos caracteres quantitativos não está completamente sobre o controle genético, visto que todos os caminhos metabólicos e de desenvolvimento são influenciados, de alguma forma, por fatores ambientais (LYNCH; WALSH, 1997) e, tais fatores, possuem um efeito maior nos caracteres quantitativos do que nos caracteres qualitativos. Por esta razão, os genótipos são submetidos a avaliações experimentais em diversos ambientes (múltiplos anos, colheitas e locais) para medir o desempenho relativo de cada genótipo entre os diferentes ambientes (BERNARDO, 2010). Em outras palavras, genótipos e ambientes interagem para produzir uma variedade de fenótipos.

Lynch e Walsh (1997), Kang (2002) e Bernardo (2010), de maneira geral, separam a GEI em dois grupos: (i) interação “crossover” na qual o desempenho dos genótipos difere entre os ambientes, ou seja, há mudança na posição dos genótipos de um ambiente para o outro; e (ii) interação “non-crossover” a qual não envolve uma mudança na posição dos genótipos, mas a diferença do desempenho dos genótipos não é constante entre os ambientes. Vale ressaltar que no estudo da GEI os efeitos dos genótipos depende da população de ambientes, e vice-versa, podendo contrair ou expandir tais efeitos conforme a manipulação da população-referência de ambientes.

Kang (2002) e Bernardo (2010) apresentam três abordagens para lidar com a GEI:

- i.* **Ignorá-la.** Assumir que a GEI não está presente. A GEI é reconhecida e os genótipos são avaliados em uma ampla variedade de ambientes, sendo que a recomendação dos genótipos é feita com base no desempenho médio dos genótipos entre todos os ambientes presentes na rede experimental sob avaliação. Provavelmente, os genótipos não são os melhores disponíveis para um ambiente específico;
- ii.* **Reduzí-la.** Pode se realizar um particionamento da população-referência de ambientes em subgrupos homogêneos. Os ambientes em cada subgrupo devem apresentar padrões semelhantes dos tipos de solo, precipitação, temperatura, comprimentos de dia, ou estresses bióticos e abióticos. As recomendações dos genótipos são feitas separadamente para cada subgrupo de ambientes;
- iii.* **Explorá-la.** Identificar os melhores genótipos adequados aos ambientes específicos visando a maximização da produtividade em tais ambientes;

Kang (2002) afirma que a GEI não deve ser ignorada quando ela for significativa e do tipo “crossover”. Destaca, também, que o melhor entendimento da GEI e as diversas maneiras de explorá-la ajudou no aumento da eficiência na utilização de recursos (aumento da produtividade por hectare) o que fez dobrar a produção agrícola, mantendo o equilíbrio entre o crescimento da população mundial e a oferta de alimentos e energia. O mesmo autor complementa dizendo que a GEI ocorre e tem um impacto em todos os estágios de seleção de um programa de melhoramento com enormes implicações para a alocação de recursos. A presença da GEI afeta negativamente a estimação da herdabilidade, a qual tem um papel fundamental para determinar o avanço genético de seleção de uma determinada característica de interesse. Quanto maior o efeito da GEI menor a estimativa da herdabilidade, assim, o progresso de seleção será limitado. Para os programas de melhoramento, é de extrema importância que a avaliação de desempenho de genótipos seja realizada em vários ambientes para que seja possível estimar o componente da GEI, além disso, ensaios realizados em vários ambientes fornecem

estimativas mais confiáveis de componentes de variância e herdabilidade. Portanto, combinando as estimativas obtidas nos ensaios realizados em vários ambientes com a estratégia do programa de melhoramento, o melhorista pode optar por escolher os melhores genótipos com ampla adaptação ou adaptação específica.

2.2. Conceitos de estabilidade

Estabilidade é um conceito que apresenta um papel muito importante para melhoristas de plantas quando a GEI está presente. Lynch e Walsh (1997), Kang (2002) e Bernardo (2010) definem dois tipos de estabilidade: (i) estabilidade estática ou biológica, quando um genótipo apresenta comportamento constante entre ambientes e não há variância entre ambientes (estabilidade fenotípica); e (ii) estabilidade dinâmica ou agronômica, quando determinado genótipo responde a uma variação do ambiente de forma previsível, em outras palavras, quando a resposta dos genótipos aos ambientes é paralela à resposta média de todos os genótipos no experimento (plasticidade fenotípica). Segundo Landell e Bressiani (2008), quando estimada de maneira adequada, a estabilidade dinâmica constitui-se em uma importante ferramenta para o manejo varietal.

Segundo Bernardo (2010), a análise de estabilidade visa examinar a reação de um genótipo, em relação a outros, a diferentes ambientes. Esta análise permite a identificação de genótipos estáveis e instáveis.

2.3. Métodos para a avaliação da GEI

Diversos métodos estão disponíveis para avaliar o desempenho dos genótipos em ensaios multi-ambientes nas áreas de melhoramento genético vegetal ou animal. Crossa (1990) revisou: (i) análises estatísticas convencionais, (ii) métodos de estabilidade e (iii) análises multivariadas para a avaliação e interpretação dos ensaios multi-ambientes. Para cada método o autor discutiu as limitações estatísticas e biológicas. Para Bastos et al. (2007) diferentes métodos para avaliar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos tem sido desenvolvidos e, ou, aprimorados. Tais procedimentos se baseiam em (i) análise de variância, (ii) regressão linear, (iii) regressão não-linear, (iv) estatísticas não paramétricas e (v) análises multivariadas. Kang (2002) apresentou uma vasta revisão bibliográfica dos diversos métodos e suas adaptações. Flores et al. (1998), citados por Kang (2002), apresentaram 22 métodos inicialmente particionados em: (i) métodos univariados paramétricos; (ii) métodos univariados não paramétricos; e (iii) métodos multivariados. Após compará-los e interpretá-los, os autores classificaram estes 22 métodos em 3 grupos:

- GRUPO 1. As estatísticas são geralmente associadas ao nível de produtividade e mostram pouca ou nenhuma correlação com os parâmetros de estabilidade;
- GRUPO 2. Os parâmetros de estabilidade e produtividade são considerados, simultaneamente, para reduzir o efeito da GEI;
- GRUPO 3. Considera, apenas, os parâmetros de estabilidade.

Os métodos para avaliar a GEI podem ser apresentados, de um modo geral, seguindo uma ordem cronológica. O primeiro método utilizado para avaliar a GEI foi o método baseado na análise de variância convencional (FISHER, 1918). Em seguida, Yates e Cochran (1938) propuseram um método para identificar genótipos estáveis baseado na análise de regressão. Esta abordagem, que se tornou conhecida como análise de regressão conjunta, foi posteriormente proposta por Finlay e Wilkinson (1963), Eberhart e Russel (1966) e Perkins e Jinks (1968). O modelo de Eberhart-Russel é uma reparametrização do modelo de Finlay-Wilkinson,

no qual os coeficientes de regressão médios entre os genótipos tem $E(b_i) = 1$. No modelo de Perkins-Jinks, o coeficiente de regressão médio tem $E(\beta_i) = 0$. Estes três modelos são equivalentes, sendo b_i igual a $1 + \beta_i$ (BERNARDO, 2010). Crossa (1990), argumenta que tais métodos, baseados na análise de regressão linear, não são informativos caso o modelo linear seja inadequado (falta de ajuste do modelo linear), sendo fortemente dependente do grupo de genótipos e ambientes incluídos na análise e tende a simplificar modelos de resposta por explicar a variação devida à interação em uma única dimensão, quando na realidade ela pode ser bastante complexa, alertando para o risco em sacrificar informações relevantes para facilitar interpretações estatísticas e biológicas. Duarte e Vencovsky (1999), acrescentam ainda o fato desses procedimentos, em geral, não informarem sobre interações específicas de genótipos com ambientes (se positivas ou negativas) dificultando explorar vantajosamente os efeitos da interação.

A partir da década de 70, com o desenvolvimento de hardwares e softwares, grandes quantidades de dados tem sido coletadas, armazenadas e eficientemente gerenciadas através de softwares estatísticos (Izenman, 2008). Anteriormente a este período, as técnicas estatísticas multivariadas ficaram “adormecidas”, embora desenvolvidas, no início do século 20 por Pearson (1901) e nas décadas de 1930 e 1940 por renomados pesquisadores como Hotelling (1933; 1936) e Fisher (1936; 1940). Todas as áreas do conhecimento, sem exceção, aplicam as abordagens estatísticas multivariadas principalmente na fase exploratória de dados para avaliar a estrutura de dependência no conjunto de variáveis utilizadas, bem como, para detectar os padrões existentes. Segundo Hair et al. (1998) muitos livros e artigos tem sido publicados que tratam dos aspectos teóricos e matemáticos das ferramentas multivariadas.

Crossa (1990) sugere que a aplicação de métodos multivariados pode ser útil para melhor explorar as informações contidas no conjunto de dados, uma vez que, tais métodos distinguem a variação sistemática (padrões dos dados) da não sistemática (ruídos). Recomenda, então, técnicas como a análise de componentes principais (ACP), que pode ser tratada diretamente através da técnica matemática denominada decomposição por valores singulares (DVS), a análise de agrupamentos e o método AMMI (**A**dditive **M**ain Effects and **M**ultiplicative **I**nteraction

Analysis), que vem sendo bastante utilizada nos últimos anos (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). O AMMI permite ao analista detectar interações entre linhas e colunas em uma tabela de dupla entrada e, se baseia, inicialmente, na estimação de efeitos aditivos dos genótipos e dos ambientes pelo método de análise de variância. Em seguida, são estimados os efeitos da GEI, considerados multiplicativos, utilizando a ACP. O AMMI pode ajudar tanto na identificação de genótipos superiores amplamente adaptados como na realização do chamado zoneamento agrônômico, com fins de recomendação regionalizada e de seleção de locais de teste. O modelo AMMI possui algumas vantagens, quais sejam: (i) permite maior detalhamento da soma de quadrados da GEI; (ii) garante a seleção dos genótipos mais produtivos (capazes de capitalizar interações positivas com ambientes); (iii) propicia estimativas mais precisas das respostas genotípicas; e (iv) possibilita uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística, nos chamados gráficos biplots (ZOBEL, WRIGHT; GAUCH, 1988). Embora, alguns autores argumentem que a eficiência do método depende da variação da interação que é captada pelo primeiro ou dois primeiros componentes principais. Gauch e Zobel (1996), comentam que a inclusão excessiva de termos multiplicativos pode reduzir seriamente a precisão da análise, aumentando o erro tipo I. Dias (2005) acrescenta que um aspecto ainda não resolvido completamente, no modelo AMMI, refere-se à determinação do número de componentes multiplicativos a serem retidos no modelo para, adequadamente, explicar o padrão na interação.

Crossa e Cornelius (2001) e Gauch (2006), comentam que Fisher e Mackenzie (1923) foram os primeiros a aplicar análise de variância univariada e análise multivariada ao mesmo conjunto de dados. Eles usaram, separadamente, análise de variância univariada e análise de componentes principais (Pearson, 1901; Hotelling, 1933), em dados de ensaio de produtividade de batata (*Solanum tuberosum* L.). Williams (1952), seguido por Pike e Silverberg (1952), foram os primeiros a combinar análise de variância univariada e análise de componentes principais em uma análise integrada usando análise de variância univariada para particionar a interação e, então, aplicar análise de componentes principais a esta interação (ao invés dos dados originais). Crossa e Cornelius (2001) acrescentam que Gollob (1968) e Mandel (1969, 1971) apresentaram pioneiramente o modelo

linear-bilinear (LBM), onde a GEI pode ser representada pela soma dos autovalores de uma matriz e, posteriormente, Zobel et al. (1988) e Gauch (1988) deram, a este LBM, o nome de modelo AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis). Crossa e Cornelius (2001) ainda apresentam outros quatro LBMs que podem ser derivados do modelo AMMI e vem sendo utilizados para avaliar a GEI: (i) genotypes regression model (GREG); (ii) sites regression model (SREG); (iii) completely multiplicative model (COMM); e (iv) shifted multiplicative model (SHMM). Desta forma, a retirada ou a inclusão dos efeitos principais de genótipos e ambientes, ou ambos, define o surgimento de uma família de modelos multiplicativos, a qual contém cinco LBMs (AMMI, GREG, SREG, COMM, SHMM) disponíveis para avaliar a GEI, onde quatro deles (GREG, SREG, COMM, SHMM) podem ser derivados do LBM principal, chamado AMMI. Em outras palavras, os modelos GREG, SREG, COMM, SHMM são casos particulares do modelo AMMI.

Além destes modelos, outro modelo, baseado em ACP, bastante utilizado atualmente, é o GGE (Genotype Main Effects and Genotype x Environment Interaction) biplot (YAN et al., 2000; YAN; KANG, 2002). Este modelo, parte do princípio que, para a avaliação do cultivar, apenas o efeito principal de genótipo e o efeito da GEI são relevantes. Similar ao modelo AMMI, os genótipos e os ambientes são avaliados visualmente, simultaneamente, em um gráfico denominado biplot (GABRIEL, 1971). Gauch (2006) após uma comparação sistemática, usando teoria estatística e investigações empíricas e, também, considerando as práticas atuais e as melhores práticas, concluiu que o modelo AMMI é decididamente superior ao GGE biplot, não por razões estatísticas, mas sim por razões agrícolas. AMMI particiona a variação geral sobre os efeitos principais de genótipos, efeitos principais de ambientes e a GEI. Estas três fontes de variação apresenta aos pesquisadores diferentes desafios e oportunidades, por isso é melhor tratá-los separadamente, ao mesmo tempo que considera todos os três de uma forma integrada. AMMI e GGE biplot, e outras famílias de modelos baseados em DVS são métodos, essencialmente, equivalentes. Mas, para determinar qual é o melhor modelo, as análises de diagnóstico de cada modelo são essenciais para cada conjunto de dados individuais. Yan et al. (2007) comparou GGE biplot com o modelo AMMI e concluíram que GGE biplot é superior ao AMMI na identificação de mega-ambientes

e avaliação de genótipos porque ele explica melhor o efeito principal de genótipo e o efeito da GEI. Maiores detalhes sobre o uso, recomendações e cuidados a respeito dos modelos AMMI e GGE biplot podem ser encontrados em Yang et al. (2009), Yan, Glover e Kang (2010) e Yang, Crossa e Burgueño (2010).

Resende (2007) argumenta que os métodos para avaliar a GEI evoluíram da análise de variância conjunta de experimentos, passando pelos métodos de estudo da estabilidade e adaptabilidade fenotípica baseados em análise de regressão, pelos métodos não paramétricos para estabilidade e adaptabilidade e pelos LBMs, por exemplo, o AMMI, para os efeitos da interação. Porém, tais procedimentos apresentam limitação para lidar com dados desbalanceados, delineamentos experimentais não ortogonais (blocos incompletos) e com a heterogeneidade de variâncias entre os vários locais de experimentação, situações estas comuns na experimentação de campo (BASTOS et al., 2007). Além do mais, tais métodos assumem, em geral, que os efeitos de genótipos são fixos, o que é desvantajoso e incoerente com a prática simultânea da estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos (tais quais a herdabilidade) realizada com base nestes experimentos. O mesmo autor, acrescenta que, embora úteis, os modelos AMMI apresentam pelo menos cinco grandes limitações: (i) consideram os efeitos de genótipos e da GEI como fixos; (ii) é adequado somente para dados balanceados; (iii) não permite considerar a variação espacial dentro de ensaios; (iv) não considera a heterogeneidade de variância entre ensaios; e (v) não considera os diferentes números de repetições entre ensaios. Smith, Cullis e Thompson (2005), citados por Resende (2007), relatam que se o objetivo é ter estimativas dos efeitos genotípicos tão próximas quanto possível dos verdadeiros efeitos, genótipos devem ser considerados como aleatórios. A adoção dos efeitos de cultivares como aleatórios não é ainda de uso generalizado e as razões para isso são históricas. Assim, para os autores, uma grande mudança de cultura é necessária.

Assumindo genótipos como efeitos aleatórios, é possível obter predições dos efeitos aleatórios da GEI, e então separar o padrão e ruído como fazem os modelos AMMI. Nesse sentido, modelo misto e AMMI podem ser vistos como duas abordagens para atingir o mesmo objetivo. Entretanto, o modelo misto tem várias vantagens que contornam todas as limitações do AMMI. Piepho (1994) mostrou que

o modelo misto é preditivamente mais acurado do que o AMMI. Piepho (1999) propôs o uso do modelo misto via REML (Método da Máxima Verossimilhança Restrita) para a comparação entre os vários procedimentos tradicionais de estabilidade (Finlay-Wilkinson, Eberhart-Russel, Shukla, Lin et al.) e uma versão AMMI considerando os efeitos de locais como aleatórios. O autor concluiu que, a maioria das medidas tradicionais de estabilidade podem ser enquadradas no modelo misto, assumindo os efeitos de genótipos como fixos e os efeitos de locais como aleatórios. O método REML é aplicado na estimação de parâmetros, fato que é vantajoso devido à sua aplicabilidade para a situação de desbalanceamento dos dados e de heterogeneidade de variâncias. Adicionalmente, propicia uma escolha formal do melhor procedimento através do uso do teste da razão da verossimilhança (REMLRT), visto que os vários modelos de análise se encaixam como sub-modelos de um modelo mais geral (o modelo de variância ambiental de Lin et al.), produzindo uma estrutura hierárquica de modelos. Assim, o problema de escolha de uma medida adequada de estabilidade e adaptabilidade equivale exatamente ao problema de identificação da mais apropriada estrutura de variância e covariância. Em outras palavras, a escolha do método mais adequado é dependente do conjunto de dados analisados (RESENDE, 2007). Mesma conclusão foi obtida por Gauch (2006). Piepho et al. (2008) analisaram a aplicação do modelo misto (BLUP) no melhoramento de plantas e ensaios de variedades. O BLUP permite incluir o uso de informações de parentesco para modelar e explorar a correlação genética entre parentes e o uso de estruturas mais flexíveis da matriz de variância-covariância da GEI. Os autores demonstraram que o BLUP tem uma boa capacidade preditiva quando comparado a outros procedimentos e, mesmo nos casos onde não foi utilizado a informação de parentesco, o BLUP demonstrou resultados perfeitamente razoáveis.

Neste trabalho, optou-se pelos três métodos: (i) análise de regressão conjunta - Eberhart-Russel (EBERHART; RUSSEL, 1966); (ii) modelo de efeito principal aditivo e interação multiplicativa (AMMI) (GOLLOB, 1968; GABRIEL, 1971; MANDEL, 1969, 1971; GAUCH, 1988; ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988; Van EEUWIJK, 1995); e (iii) modelo misto (HENDERSON, 1973, 1975; SMITH; CULLIS;

THOMPSON, 2005; RESENDE, 2007). Diversos autores apresentaram aplicações destes três métodos de maneira individual ou fazendo comparações entre eles.

Gonçalves et al. (2003) utilizaram o método de Eberhart-Russel para avaliar a adaptabilidade e estabilidade de sete genótipos de seringueira que foram cultivados em cinco locais no estado de São Paulo. Dois genótipos, considerados estáveis, foram recomendados para liberação comercial no estado de São Paulo. Gomes et al. (2007), usando o mesmo método avaliaram a adaptabilidade e estabilidade de nove genótipos de amendoim da Embrapa cultivados em oito ambientes no estado de Pernambuco, região nordeste do Brasil. Os autores recomendaram um genótipo com ampla adaptabilidade e alta estabilidade e outros três com ampla adaptação. Silva (2008), fez uso do mesmo método e recomendou três genótipos que se mostraram superiores em relação aos doze cultivares de cana-de-açúcar (dez genótipos do programa de melhoramento do IAC e duas variedades comerciais) cultivados em ensaios repetidos em regiões produtoras contrastantes do estado de São Paulo.

Guerra et al. (2009) utilizou o método AMMI para avaliar a estabilidade e adaptabilidade de quatorze clones precoces de cana-de-açúcar, em 11 localidades no estado do Paraná, nos ciclos de cana planta e cana soca. A partir do $AMMI_2$ (baseado nos dois primeiros componentes principais), para a tonelada de pol por hectare (TPH), os autores recomendaram um genótipo que apresentou média elevada de TPH, alta estabilidade fenotípica e adaptabilidade geral para o norte do Paraná. Em relação aos ambientes, os autores identificaram dois locais mais estáveis, onde o ordenamento dos genótipos apresentaram maior confiabilidade em relação à média dos ambientes testados. Silveira et al. (2013) avaliaram 15 genótipos de cana-de-açúcar cultivados em nove ambientes e por meio do modelo AMMI avaliaram a adaptabilidade e estabilidade fenotípica. Os autores conseguiram recomendar um genótipo para cultivo comercial e identificar um ambiente estável que pode ser usado em estágios iniciais de seleção, além de identificar seis genótipos com alta produtividade e adaptação específica a quatro ambientes.

Lavoranti, Dias e Vencovsky (2002) avaliaram a adaptabilidade e estabilidade fenotípica de 200 progênies de eucalipto por meio do modelo AMMI e conseguiram identificar as estabilidades das progênies, assim como as adaptabilidades específicas, além de conseguir identificar sub-regiões homogêneas para realizar

novos experimentos, otimizando recursos. Lavoranti, Dias e Krzanowski (2007), desenvolveram um método via reamostragem “bootstrap” para tentar minimizar alguns problemas inerentes ao modelo AMMI. Foram analisadas 20 progênies de eucalipto cultivadas em sete locais no sul e sudeste do Brasil. Segundo os autores, o método “bootstrap” AMMI eliminou as dúvidas relacionadas e se mostrou preciso e confiável. O coeficiente bootstrap de estabilidade (CBE) baseado na distância quadrada de Mahalanobis do modelo $AMMI_2$ conseguiu distinguir os genótipos e os ambientes em termos de estabilidade.

Annicchiarico (1997) comparou o método da regressão linear (FINLAY; WILKINSON, 1963; EBERHART; RUSSELL, 1966) e AMMI (GAUCH, 1992) para ensaios de produtividade de cereais (trigo e aveia) na Itália. Para o autor, certamente, o método da regressão linear (FINLAY e WILKINSON, 1963; EBERHART e RUSSELL, 1966) é o mais comumente usado para análise de estabilidade, devido a sua simplicidade e ao fato que sua informação sobre resposta adaptativa é facilmente aplicada aos ambientes, porém, AMMI está ganhando popularidade e representa a principal alternativa ao método da regressão linear para vários programas de melhoramento. O autor não conseguiu recomendar o melhor método para ser utilizado amplamente, devido à complexidade da GEI existente em seu conjunto de dados.

Namorato et al. (2009) compararam os métodos AMMI, GGE biplot e Eberhart-Russel na interpretação da GEI para dados de milho. Os autores concluíram que AMMI e GGE biplot foram mais eficientes do que o método de Eberhart-Russel e, adicionalmente, GGE biplot explicou uma maior proporção da soma de quadrados da GEI sendo mais informativa no que se refere aos ambientes e desempenho das cultivares em relação ao modelo AMMI. Ramburan, Zhou e Labuschagne (2011) utilizaram os métodos AMMI e GGE biplot para identificar fatores ambientais relevantes para a GEI em cana-de-açúcar na África do Sul. Os resultados deste estudo vai ajudar na reestruturação da rede de ensaios multi-ambientes do programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar da África do Sul, por meio da exploração e direcionamento dos fatores ambientais relevantes nas diferentes regiões.

Zeni-Neto et al. (2008) utilizaram o método de modelo misto (REML/BLUP) para estimar os parâmetros genéticos e selecionar os genótipos superiores de cana-de-açúcar. Os dados de três locais foram considerados para o estudo sendo que, cada local, apresentava números diferentes de genótipos e todos os genótipos não estavam presentes em todos os ambientes testados. Os autores identificaram três clones adaptados, estáveis e produtivos e, concluíram que tal método deve ser empregado com cautela quando se faz seleção para estabilidade e produtividade quando há experimentos com esse tipo de desbalanceamento. Bastos et al. (2007) avaliando um conjunto de dados contendo setenta e dois genótipos (setenta clones e duas testemunhas) cultivados em sete ambientes representativos das regiões produtoras de cana-de-açúcar de Minas Gerais conseguiram, por meio da utilização do modelo misto, selecionar três clones que se destacaram para a produtividade de açúcar, adaptabilidade e estabilidade.

Bajpai e Kumar (2005) utilizando dados de treze genótipos de cana-de-açúcar de maturação médio-tardio na Índia, compararam os métodos: (i) análises de regressão conjunta, AMMI e modelo misto (BLUP) e concluíram que AMMI e BLUP foram superiores aos métodos baseados em análise de regressão conjunta na presença de grande interação não-linear.

Dias (2005) a partir de dados simulados comparou quatro métodos comumente utilizados para definir o número de componentes nos modelos AMMI. Lim, Komen e Kause (2010) realizaram um estudo de simulação estocástica para avaliar o impacto da estrutura da população no vício e precisão das estimativas da correlação genética entre dois ambientes. Segundo os autores, tal estudo pode servir como um guia para que os programas de melhoramento possam determinar o delineamento ótimo para estimar a GEI e a correlação genética. Contudo, até o momento, nenhum trabalho contendo estudos de simulação comparando os três métodos (Eberhart-Russel, AMMI e modelo misto) foram encontrados.

Vários outros métodos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica no contexto dos modelos com efeitos fixos de tratamento são descritos com detalhes nas obras de Vencovsky e Barriga (1992), Ramalho, Santos e Zimmermann (1993), Cruz e Regazzi (1994), Cruz e Carneiro (2003) (RESENDE, 2007).

REFERÊNCIAS

ANNICCHIARICO, P. Joint regression vs AMMI analysis of genotype-environment interactions for cereals in Italy. **Euphytica**, Dordrecht, v. 94, p. 53-62, 1997.

BAJPAI, P. K.; KUMAR, R. Comparison of methods for studying genotype x environment interaction in sugarcane. **Sugar Tech**, New Delhi, v. 7, n. 4, p. 129-135, 2005.

BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; DONDA, L. R.; FORTUNATO, A. A.; COSTA, P. M. A.; FIGUEIREDO, I. C. R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 4, p. 195-203, 2007.

BERNARDO, R. Genotype x environment interaction. In: _____ (Ed.). **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 2010. cap. 8, p. 177-203.

CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 44, p. 55-85, 1990.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L. Linear-Bilinear models for genotype-environment interaction. In: KANG, M. S. (Ed.). **Quantitative genetics, genomics and plant breeding**. New York: CAB International, 2001. cap. 20, p. 305-322.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2003. v. 2.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, O. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV/Imprensa Universitária, 1994. 390 p.

DIAS, C. T. S. **Métodos para escolha de componentes em modelo de efeito principal aditivo e interação multiplicativa (AMMI)**. 2005. 73 f. Tese (Livre-Docência para o Departamento de Ciências Exatas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.

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

EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 1, n. 6, p. 36-40, 1966.

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

FISHER, R. A. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Transactions of the Royal Society**, Edinburgh, v. 52, p. 399-433, 1918.

FISHER, R. A.; MACKENZIE, W. A. Studies in crop variation. II. The manurial response of different potato varieties. **The Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 23, n. 3, p. 311-320, 1923.

FISHER, R. A. The use of multiple measurements in taxonomic problems. **Annals of Eugenics**, Chichester, v. 7, n. 2, p. 179-188, 1936.

FISHER, R. A. The precision of discriminant functions. **Annals of Eugenics**, Chichester, v. 10, p. 422 – 429, 1940.

FLORES, F.; MORENO, M. T.; CUBERO, J. I. A comparison of univariate and multivariate methods to analyze G X E interaction. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 56, n. 3, p. 271-286, 1998.

GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal components analysis. **Biometrika**, Oxford, v. 58, n. 3, p. 453-467, 1971.

GAUCH, H. G. Model selection and validation for yield trials with interaction. **Biometrics**, Chichester, v. 44, n. 3, p. 705-715, 1988.

GAUCH, H. G. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs**. Amsterdam: Elsevier, 1992. 172 p.

GAUCH, H. G. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 4, p. 1488-1500, 2006.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. (Ed.). **Genotype by environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. p. 85-122.

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

GOMES, L. R.; SANTOS, R. C.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J.; MELO FILHO, P. A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de amendoim de porte ereto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 7, p. 985-989, 2007.

GONÇALVES, P. S.; BORTOLETTO, N.; MARTINS, A. L. M.; COSTA, R. B.; GALLO, P. B. Genotype-environment interaction and phenotypic stability for girth growth and rubber yield of Hevea clones in São Paulo. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 26, n. 4, p. 441-448, 2003.

GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; ZAMBON, J. L. C.; IDO, O. T.; BESPALHOK FILHO, J. C. Stability and adaptability of early maturing sugarcane clones by AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9, p. 260-267, 2009.

HAIR, J. F.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L.; BLACK, W. **Análise multivariada de dados**. São Paulo: Bookman, 1998. 593 p.

HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOUR OF J. LUSH, 1973, Champaign. **Proceedings...** Champaign: American Society of Animal Science, 1973. p. 10-41.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, Chichester, v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975.

HOTELLING, H. Analysis of a complex of statistical variables into principal components. **Journal of Educational Psychology**, Washington, v. 24, p. 417-441, 498-520, 1933.

HOTELLING, H. Relations between two sets of variates. **Biometrika**, Oxford, v. 28, p. 321-377, 1936.

IZENMAN, A. J. **Modern multivariate statistical techniques**: regression, classification and manifold learning. New York: Springer, 2008. p. .

KANG, M. S. Genotype-environment interaction. In: _____ (Ed.). **Quantitative genetics, genomics and plant breeding**. New York: CAB International, 2002. cap. 15, p. 221-243.

LANDELL, M. G. A.; BRESSIANI, J. A. Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELLOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. **Cana-de-açúcar**. Campinas: IAC, 2008. cap. 5, p. 101-155.

LAVORANTI, O. J.; DIAS, C. T. S.; VENCOSKY, R. Estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica de progênies de Eucalyptus grandis via metodologia AMMI. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, v. 44, n. 1, p. 107-118, 2002.

LAVORANTI, O. J.; DIAS, C. T. S.; KRZANOWSKI, W. J. Phenotypic stability via AMMI model with bootstrap re-sampling. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, n. 54, p. 45-52, 2007.

LEITE, M. S. O. **Análise multiambientes visando a recomendação regionalizada de clones de cana-de-açúcar**. 2011. 72 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2011.

LIM, P. S.; KOMEN, H.; KAUSE, A. Bias and precision of estimates of genotype-by-environment interaction: a simulation study. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 310, n. 1-2, p. 66-73, 2010.

LYNCH, M.; WALSH, B. Genotype x environment interaction. In: _____ (Ed.). **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer, 1997. cap. 22, p. 657-683.

MANDEL, J. The partitioning of interaction in analysis of variance. **Journal of Research of the National Bureau of Standards, Series B**, Hoboken, v. 73, p. 309-328, 1969.

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

NAMORATO, H.; MIRANDA, G. V.; SOUZA, L. V.; OLIVEIRA, L. R.; LIMA, R. O.; MANTOVANI, E. E. Comparing biplot multivariate analysis with Eberhart and Russel's method for genotype x environment interaction. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9, p. 299-307, 2009.

PEARSON, K. On lines and planes of closest fit to systems of points in space. **Philosophical Magazine, Sixth Series**, Abingdon, v. 2, n. 6, p. 559-572, 1901.

PERKINS, J. M.; JINKS, J. L. Environmental and genotype-environmental components of variability. III. Multiple lines and crosses. **Heredity**, London, v. 23, p. 339-356, 1968. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1038/hdy.1968.48>>.

PIEPHO, H. P. Best linear unbiased prediction (BLUP) for regional yield trials: a comparison to additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 89, p. 647-654, 1994.

PIEPHO, H. P. Stability analysis using the SAS system. **Agronomy Journal**, Madison, v. 91, p. 154-160, 1999.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, Dordrecht, v.

161, p. 209-228, 2008. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1007/s10681-007-9449-8>>.

PIKE, E. W.; SILVERBERG, T. R. Designing mechanical computers. **Machine Design**, Cleveland, v. 24, p. 131-137, 159-163, 1952.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Goiânia: Universidade Federal de Goiás, 1993. 271 p.

RAMBURAN, S.; ZHOU, M.; LABUSCHAGNE, M. Interpretation of genotype x environment interactions of sugarcane: Identifying significant environmental factors. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 124, n. 3, p. 392-399, 2011. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.fcr.2011.07.008>>.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. Estimação e predição em modelos lineares mistos. In: _____. (Ed.). **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. p. 371-396.

SILVA, M. A. Interação genótipo x ambiente e estabilidade fenotípica de cana-de-açúcar em ciclo de cana de ano. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 1, p. 109-117, 2008.

SILVEIRA, L. C. I.; KIST, V.; PAULA, T. O. M.; BARBOSA, M. H. P.; PETERNELLI, L. A.; DAROS, E. AMMI analysis to evaluate the adaptability and phenotypic stability of sugarcane genotypes. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 70, n. 1, p. 27-32, 2013.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. **The Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 143, n. 6, p. 449-462, 2005.

VAN EEUWIJK, F. A. Linear and bilinear models for the analysis of multi-environment trials: I. an inventory of models. **Euphytica**, Dordrecht, v. 84, p. 1-7, 1995.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

WILLIAMS, E. J. The interpretation of interactions in factorial experiments. **Biometrika**, Oxford, v. 39, n. 1-2, p. 65-81, 1952.

YAN, W.; HUNT, L. A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 3, p. 597-605, 2000.

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE biplot analysis**: a graphical tool for breeders, geneticists and agronomists. Boca Raton: CRC Press, 2002. 288 p.

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 643-655, 2007. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2006.06.0374>>.

YANG, R. -C.; CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L.; BURGUEÑO, J. Biplot analysis of genotype x environment interaction: proceed with caution. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 1564-1576, 2009. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2008.11.0665>>.

YANG, R. -C.; CROSSA, J.; BURGUEÑO, J. Reply to comment on “biplot analysis of genotype x environment interaction: proceed with caution”, by R.-C. Yang, J. Crossa, P.L. Cornelius, and J. Burgueño in *Crop Science* 2009 49:1564–1576, 2. **Crop Science**, Madison, v. 50, n. 4, p. 1121-1123, 2010. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2010.01.00011e>>.

YATES, F.; COCHRAN, W. G. The analysis of groups of experiments. **The Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 28, n. 4, p. 556-580, 1938.

ZENI-NETO, H.; OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; IDO, O. T.; WEBER, H. Selection for yield, adaptability and stability of sugarcane in three environments of Parana state via mixed models. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 9, n. 4, p. 425-430, 2008.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analysis of yield trial. **Agronomy Journal**, Madison, v. 80, n. 3, p. 388-393, 1988.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Nesta seção serão descritos os cenários para a simulação dos dados, os três métodos utilizados para a avaliação da GEI e o ambiente computacional utilizado para gerar os cenários de simulação e analisar estatisticamente tais dados.

3.1. Cenários da simulação dos dados

Inicialmente, foram simulados mil experimentos (réplicas, na terminologia de estudos de simulação) contendo quinze genótipos em doze ambientes e, dentro de cada ambiente, três repetições (blocos), conforme o método de análise de experimentos planejados seguindo o delineamento de Blocos Completos Casualizados para cada ambiente. A característica (variável resposta) simulada foi a tonelada de cana por hectare (TCH), a qual mede a produtividade de cana-de-açúcar. Todas as condições simuladas, tiveram por objetivo representar as diversas situações práticas inerentes aos experimentos dos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar. Além disso, evitou-se números negativos e valores muito altos, visto que tais valores seriam impossíveis de ocorrerem do ponto de vista biológico.

Os efeitos de blocos foram considerados aleatórios de média zero e desvio padrão igual a dois. Os efeitos dos doze ambientes foram considerados sistemáticos (-20, -10, -5, -2, 0, 0, 0, 0, 2, 5, 10, 20), onde o efeito nulo foi considerado em quatro ambientes, e o desvio padrão para os doze ambientes foram fixos e iguais a quatro $t\ ha^{-1}$, conforme a Tabela 1.

Os genótipos formaram três grupos com base na produtividade média: (i) cinco genótipos com produtividade média de $160\ t\ ha^{-1}$ (H - alta produtividade), com efeitos aleatórios e sistemáticos (-10, 0, 10, 20 e 30); (ii) cinco genótipos com produtividade média de $120\ t\ ha^{-1}$ (MD - média produtividade), com efeitos aleatórios e sistemáticos (-20, -10, 0, 10 e 20); e (iii) cinco genótipos com produtividade média

de 80 t ha⁻¹ (L - baixa produtividade), com efeitos aleatórios e sistemáticos (-30, -20, -10, 0 e 10). Considerou-se duas condições para o desvio padrão: (i) igual a 8 t ha⁻¹ e (ii) 5% em relação à média, ou seja, coeficiente de variação igual a 5%.

Todas as simulações, de tais efeitos, seguiram a distribuição de probabilidade Normal, com independência uma das outras. As distribuições normais apresentaram a média dependente da condição do genótipo, do bloco e do ambiente, como descrito anteriormente.

Tabela 1. Distribuições de probabilidades Normais utilizadas para simular os efeitos de cada bloco e ambiente.

	Efeitos	Distribuição
Blocos	Bloco 1	N(0,2 ²)
	Bloco 2	N(0,2 ²)
	Bloco 3	N(0,2 ²)
Ambientes	Env1	N(-20,4 ²)
	Env2	N(-10,4 ²)
	Env3	N(-5,4 ²)
	Env4	N(-2,4 ²)
	Env5	<u>N(0,4²)</u>
	Env6	<u>N(0,4²)</u>
	Env7	<u>N(0,4²)</u>
	Env8	<u>N(0,4²)</u>
	Env9	N(2,4 ²)
	Env10	N(5,4 ²)
	Env11	N(10,4 ²)
	Env12	N(20,4 ²)

Com base no que foi descrito, são visualizados três cenários de simulação para os genótipos:

- i. CENÁRIO 1 - RCV: os efeitos dos genótipos foram considerados aleatórios com desvio padrão dependendo da média da condição do genótipo. Os dados simulados foram obtidos a partir de uma distribuição normal com a média dependente da condição do genótipo, conforme os três grupos de produtividade média (160, 120 e 80 t ha⁻¹), e o desvio padrão sendo como 5% em relação à média, ou seja, coeficiente de variação igual a 5%;

- ii. CENÁRIO 2 - RSD: os efeitos dos genótipos foram considerados aleatórios com desvio padrão fixo de 8 t ha^{-1} para todos os genótipos. Os dados simulados foram obtidos a partir de uma distribuição normal com a média dependente da condição do genótipo, conforme os três grupos de produtividade média ($160, 120$ e 80 t ha^{-1}) e o desvio padrão fixo de 8 t ha^{-1} ;
- iii. CENÁRIO 3 - SySD: os efeitos dos genótipos foram considerados sistemáticos com desvio padrão fixo de 8 t ha^{-1} para todos os genótipos. Para os cinco genótipos pertencentes ao grupo de produtividade média de 160 TCH , adicionou efeitos sistemáticos ($-10, 0, 10, 20$ e 30) na condição média de cada genótipo; para os cinco genótipos pertencentes ao grupo de produtividade média de 120 t ha^{-1} , adicionou efeitos sistemáticos ($-20, -10, 0, 10$ e 20) na condição média de cada genótipo; e (iii) nos cinco genótipos pertencentes ao grupo de produtividade média de 80 t ha^{-1} , adicionou efeitos sistemáticos ($-30, -20, -10, 0$ e 10) na condição média de cada genótipo. O desvio padrão das distribuições normais de todos os genótipos foram fixados em 8 t ha^{-1} ;

O primeiro cenário (RCV) é o único cenário aqui simulado que apresenta heterogeneidade de variância entre os grupos de genótipos, uma vez que os cenários 2 e 3, RSD e SySD, respectivamente, apresentam homogeneidade de variância entre os grupos de genótipos.

A Tabela 2 apresenta a definição das distribuições normais dos três cenários de simulação para os genótipos.

As distribuições teóricas das Tabelas 1 e 2 podem ser visualizadas nos gráficos das Figuras 1 e 2. Na Figura 1 são apresentados os gráficos das distribuições de probabilidade dos efeitos de blocos (a) e ambientes (b). Na Figura 2 são apresentados os gráficos das distribuições de probabilidade dos efeitos dos genótipos para: CENÁRIO 1 - RCV (a), CENÁRIO 2 - RSD (b) e CENÁRIO 3 - SySD (c). Assim, pretende-se mostrar as particularidades de cada cenário de simulação dos efeitos de blocos, ambientes e genótipos e visualizar as diferenças entre estes.

Tabela 2. Distribuições de probabilidades Normais utilizadas para simular os efeitos de cada genótipo para os diferentes grupos de genótipos e cenários de simulação.

Grupo de genótipos	Genótipos	Cenário 1 (RCV)	Cenário 2 (RSD)	Cenário 3 (SySD)
H (160 t ha ⁻¹)	G1	N(160; 8 ²)	N(160; 8 ²)	N(150; 8 ²)
	G2	N(160; 8 ²)	N(160; 8 ²)	<u>N(160; 8²)</u>
	G3	N(160; 8 ²)	N(160; 8 ²)	N(170; 8 ²)
	G4	N(160; 8 ²)	N(160; 8 ²)	N(180; 8 ²)
	G5	N(160; 8 ²)	N(160; 8 ²)	N(190; 8 ²)
MD (120 t ha ⁻¹)	G6	N(120; 6 ²)	N(120; 8 ²)	N(100; 8 ²)
	G7	N(120; 6 ²)	N(120; 8 ²)	N(110; 8 ²)
	G8	N(120; 6 ²)	N(120; 8 ²)	<u>N(120; 8²)</u>
	G9	N(120; 6 ²)	N(120; 8 ²)	N(130; 8 ²)
	G10	N(120; 6 ²)	N(120; 8 ²)	N(140; 8 ²)
L (80 t ha ⁻¹)	G11	N(80; 4 ²)	N(80; 8 ²)	N(50; 8 ²)
	G12	N(80; 4 ²)	N(80; 8 ²)	N(60; 8 ²)
	G13	N(80; 4 ²)	N(80; 8 ²)	N(70; 8 ²)
	G14	N(80; 4 ²)	N(80; 8 ²)	<u>N(80; 8²)</u>
	G15	N(80; 4 ²)	N(80; 8 ²)	N(90; 8 ²)

Pelo exposto na Figura 1, podemos ver uma ampla variabilidade nos valores plausíveis das distribuições dos ambientes, superior à variabilidade nos valores plausíveis das distribuições dos blocos.

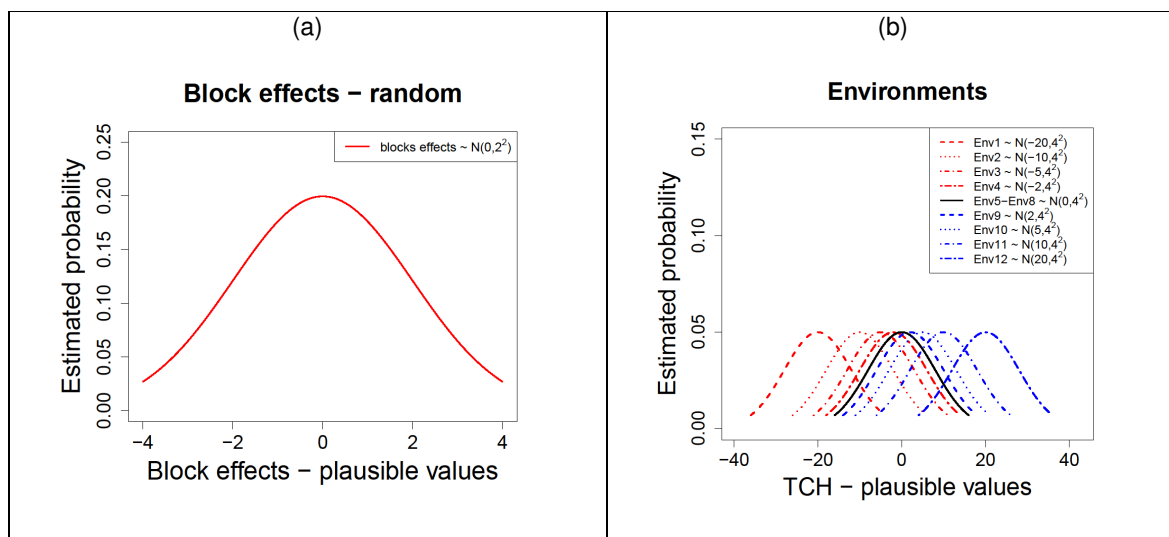


Figura 1. Distribuições de probabilidades teóricas Normais para os efeitos simulados de blocos (a) e ambientes (b).

Pelo exposto na Figura 2, no CENÁRIO 1 - RCV, o aumento na média (parâmetro de locação) é acompanhado pelo aumento da variância (parâmetro de forma) dos dados, ou, quanto menor a média menor a variabilidade dos dados. Em outras palavras, a média e a variabilidade do grupo 1 (H - linha vermelha) é maior que a média e a variabilidade do grupo 2 (MD - linha azul), a qual, por sua vez, é maior que a média e a variabilidade do grupo 3 (L - linha verde). A distribuição do grupo 3 está bem concentrada (baixa variabilidade) em torno da média. Há sobreposição de distribuições, com mesma média e variância, dentro de cada grupo de genótipo (H, MD e L).

Para o CENÁRIO 2 - RSD, há um deslocamento do ponto médio das distribuições (parâmetro de locação), porém, a variância (parâmetro de escala) se mantém constante. Novamente, há sobreposição de distribuições dentro de cada grupo de genótipo (H, MD e L). E, para o CENÁRIO 3 - SySD, há um deslocamento maior do ponto médio das distribuições (parâmetro de locação), quando comparadas às distribuições dos CENÁRIOS 1 e 2 (RCV e RSD, respectivamente), porém, a variância (parâmetro de forma) se mantém constante, assim como no CENÁRIO 2 - RSD. No CENÁRIO 3 - SySD, não há sobreposição de distribuições, com mesma média e variância, dentro de cada grupo de genótipo (H, MD e L), entretanto nota-se um maior número de distribuições, com médias diferentes, dentro de cada grupo de genótipo. Esse deslocamento das distribuições se deve à adição sistemática em cima da condição média de cada genótipo, dentro de cada grupo de genótipo (H, MD e L), indicando que há efeito de genótipos dentro de cada grupo de genótipo.

Porém, os dados simulados seguindo as condições definidas em cada cenário, por meio das distribuições pseudo-aleatórias descritas, não apresentam GEI. Sendo assim, não haveria condições para que os objetivos desta tese fossem alcançados. Deste modo, fez-se necessário inserir (forçar) a GEI nas condições simuladas. A GEI foi feita por meio de troca (inversão) de respostas entre os genótipos de grupos diferentes (H, MD e L), variando o grupo de ambientes em que isso aconteceu.

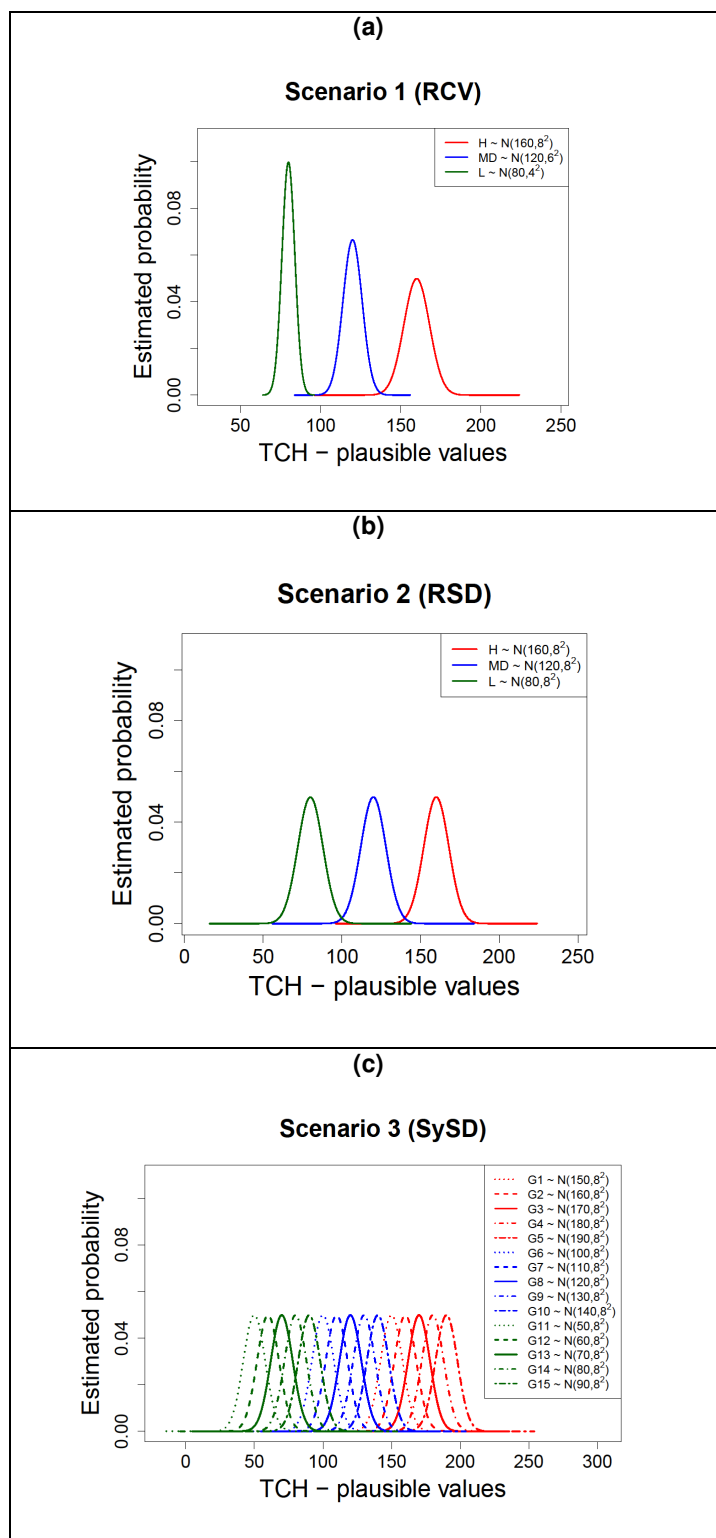


Figura 2. Distribuições de probabilidades teóricas normais para os diferentes cenários dos genótipos. CENÁRIO 1 – RCV (a); CENÁRIO 2 – RSD (b); e CENÁRIO 3 – SySD (c).

As inversões avaliadas seguiram as estratégias a seguir:

- I. EG_1HMD: inversão de 1 genótipo de alta produtividade (H) com 1 de média produtividade (MD);
- II. EG_1HL: inversão de 1 genótipo de H com 1 de baixa produtividade (L);
- III. EG_1MDL: inversão de 1 de MD com 1 de L;
- IV. EG_2HMD: inversão de 2 de H com 2 de MD;
- V. EG_2HL: inversão de 2 de H com 2 de L;
- VI. EG_2MDL: inversão de 2 de MD com 2 de L;
- VII. EG_3HMD: inversão 3 de H com 3 de MD;
- VIII. EG_3HL: inversão 3 de H com 3 de L;
- IX. EG_3MDL: inversão 3 genótipos MD com 3 genótipos L.

A inversão entre genótipos foi realizada por meio da troca dos nomes dos genótipos. Por exemplo se o ordenamento, crescente, dentro do grupo H é: G1 = com média μ_1 , G2 = com média μ_2 , G3 = com média μ_3 , G4 = com média μ_4 e G5 = com média μ_5 e dentro do grupo MD o ordenamento, crescente, é: G6 = com média μ_6 , G7 = com média μ_7 , G8 = com média μ_8 , G9 = com média μ_9 e G10 = com média μ_{10} . Uma troca foi realizada entre os genótipos G1 e G6. Após a troca, tem-se, G1 = com média μ_6 , e G6 = com média μ_1 , mantendo-se todos os outros genótipos inalterados.

As trocas foram realizadas considerando os seguintes grupos de ambientes:

- **Dentro dos ambientes neutros (E1):** Env5, Env6, Env7 e Env8;
- **Entre os piores e os melhores ambientes (E2):** Quando a troca envolveu 2 genótipos, pertencentes a diferentes grupos de genótipos, esta foi realizada entre os grupos de ambientes - Env1, Env2, Env3 e Env4 versus Env9, Env10, Env11 e Env12; e, quando a troca envolveu 3 genótipos, pertencentes a diferentes grupos de genótipos, esta foi realizada entre os grupos de ambientes - Env1, Env2, Env3 e Env4 versus Env9, Env10, Env11 e Env12 versus Env1 e Env12;
- **Trocas não estruturadas dentro de cada grupo de ambientes (E3):** este tipo de troca visou realizar interações mais complexas. Quando a troca envolveu 2 genótipos, pertencentes a diferentes grupos de genótipos, esta foi realizada entre os grupos de ambientes - Env1, Env2,

Env8, Env10 e Env12 versus Env3, Env9 e Env11; e, quando a troca envolveu 3 genótipos, pertencentes a diferentes grupos de genótipos, esta foi realizada entre os grupos de ambientes - Env1, Env2, Env8, Env10 e Env12 versus Env3, Env9 e Env11 versus Env1, Env4, Env6 e Env12.

Diante do exposto, foram criadas todas as situações que determinaram a construção dos casos finais de simulação, ou seja, os genótipos possuíam três cenários: CENÁRIO1 (RCV) – aleatório com coeficiente de variação igual a 5%; CENÁRIO2 (RSD) – aleatório com desvio padrão igual a 8 t ha⁻¹; e o CENÁRIO3 (SySD) – sistemático com desvio padrão igual a 8 t ha⁻¹. Os blocos possuem um único cenário - aleatórios de média zero e desvio padrão igual a dois. Foram formados três grupos de ambientes (E1, E2 e E3), onde as trocas avaliadas. Dentro do grupo de ambiente E1 foram realizadas todas as trocas avaliadas, de 1 a 3 trocas de genótipos entre os grupos de genótipos (H, MD e L), totalizando 27 casos. Dentro dos grupos E2 e E3 foram realizadas trocas entre 2 e 3 genótipos, respectivamente, totalizando 18 trocas em E2 e 18 trocas em E3. Somando-se todos os casos (27 em E1 + 18 em E2 + 18 em E3), chega-se nos 63 casos finais que foram simulados os quais serão discutidos nos próximos capítulos. A Tabela 3, contém os casos e a respectiva sigla que ajuda a entender o que foi realizado em cada caso.

O conteúdo da Tabela 3 pode ser interpretado da seguinte maneira. A primeira linha desta tabela contém o primeiro caso, o caso 1. A sigla deste caso é, “E1-EG_1HMD-RCV”, e pode ser interpretada como:

- Os dois primeiros caracteres referem-se ao grupo de ambiente onde foi realizada a troca. Neste caso, a troca ocorreu dentro do grupo de ambientes neutros (E1);
- Os sete próximos caracteres referem-se ao tipo de troca realizada. Para este caso (caso 1), ocorreu uma inversão de 1 genótipo de alta produtividade (H) com 1 genótipo de média produtividade (MD) - EG_1HMD;
- E, os três últimos caracteres referem-se ao cenário dos genótipos. Aqui, o genótipo pertencia ao CENÁRIO1 (aleatório com coeficiente de variação igual a 5%) e a sua sigla é RCV;
- O símbolo “-” é apenas um separador de grupo de caracteres;

Tabela 3. Número e sigla referente a cada caso final de simulação.

# caso	Sigla	# caso	Sigla
1	E1-EG_1HMD-RCV	32	E2-EG_3HL-RCV
2	E1-EG_1HL-RCV	33	E2-EG_3MDL-RCV
3	E1-EG_1MDL-RCV	34	E2-EG_2HMD-RSD
4	E1-EG_2HMD-RCV	35	E2-EG_2HL-RSD
5	E1-EG_2HL-RCV	36	E2-EG_2MDL-RSD
6	E1-EG_2MDL-RCV	37	E2-EG_3HMD-RSD
7	E1-EG_3HMD-RCV	38	E2-EG_3HL-RSD
8	E1-EG_3HL-RCV	39	E2-EG_3MDL-RSD
9	E1-EG_3MDL-RCV	40	E2-EG_2HMD-SySD
10	E1-EG_1HMD-RSD	41	E2-EG_2HL-SySD
11	E1-EG_1HL-RSD	42	E2-EG_2MDL-SySD
12	E1-EG_1MDL-RSD	43	E2-EG_3HMD-SySD
13	E1-EG_2HMD-RSD	44	E2-EG_3HL-SySD
14	E1-EG_2HL-RSD	45	E2-EG_3MDL-SySD
15	E1-EG_2MDL-RSD	46	E3-EG_2HMD-RCV
16	E1-EG_3HMD-RSD	47	E3-EG_2HL-RCV
17	E1-EG_3HL-RSD	48	E3-EG_2MDL-RCV
18	E1-EG_3MDL-RSD	49	E3-EG_3HMD-RCV
19	E1-EG_1HMD-SySD	50	E3-EG_3HL-RCV
20	E1-EG_1HL-SySD	51	E3-EG_3MDL-RCV
21	E1-EG_1MDL-SySD	52	E3-EG_2HMD-RSD
22	E1-EG_2HMD-SySD	53	E3-EG_2HL-RSD
23	E1-EG_2HL-SySD	54	E3-EG_2MDL-RSD
24	E1-EG_2MDL-SySD	55	E3-EG_3HMD-RSD
25	E1-EG_3HMD-SySD	56	E3-EG_3HL-RSD
26	E1-EG_3HL-SySD	57	E3-EG_3MDL-RSD
27	E1-EG_3MDL-SySD	58	E3-EG_2HMD-SySD
28	E2-EG_2HMD-RCV	59	E3-EG_2HL-SySD
29	E2-EG_2HL-RCV	60	E3-EG_2MDL-SySD
30	E2-EG_2MDL-RCV	61	E3-EG_3HMD-SySD
31	E2-EG_3HMD-RCV	62	E3-EG_3HL-SySD
		63	E3-EG_3MDL-SySD

Resumindo, uma inversão de 1 genótipo de alta produtividade (H) com 1 genótipo de média produtividade (MD) foi realizada dentro do grupo de ambientes neutros (E1), sendo que, os genótipos apresentam efeitos aleatórios com coeficiente de variação igual a 5% (RCV). Similarmente, a mesma interpretação pode ser feita para os outros casos.

Desta maneira, cada um dos sessenta e três casos simulados, apresenta uma distribuição amostral dos valores de TCH particular devido às diferentes condições e trocas descritas nesta seção. Os dados são balanceados e não foi considerada correlação entre os efeitos.

3.2. Métodos para avaliação da GEI

Como descrito nos capítulos 1 e 2, nesta tese, serão utilizados os seguintes métodos: (i) Eberhart-Russel; (ii) AMMI; e (iii) modelo misto – REML/BLUP. Antes de iniciar a descrição de tais métodos, mostraremos uma visão geral sobre a análise de variância convencional, que é o ponto de partida das análises para os ensaios multi-ambientes.

3.2.1. Análise de variância convencional

Nos programas de melhoramento genético de diversas culturas é comum a existência de experimentos multi-ambientes com as seguintes características: g genótipos são avaliados em e ambientes com r repetições para uma determinada característica de interesse, como, por exemplo, a produtividade da cana-de-açúcar que pode ser medida pela tonelada de cana por hectare (TCH). O modelo clássico para avaliar esses tipos de ensaio é a análise de variância convencional (FISHER, 1918). O quadrado médio do resíduo (MSE) dentro de ambiente mede o erro ao estimar as médias dos genótipos devido às diferentes fertilidades de solo e outros fatores, tais como, sombreamento, competição entre parcelas (CROSSA, 1990), altitude, precipitação e diferentes tipos de manejo.

A análise de variância dos dados combinados (sem o efeito das r repetições em cada combinação da GEI) expressa a produtividade média do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, g$) no j -ésimo ambiente ($j = 1, 2, \dots, e$):

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \delta_j + (\tau\delta_{ij}) + \bar{\varepsilon}_{ij} \quad (1)$$

onde Y_{ij} é a média fenotípica observada do genótipo i no ambiente j , μ é a média geral entre todos os genótipos e ambientes e é estimada por $\bar{y}_{..}$, τ_i é o efeito aditivo do i -ésimo genótipo definido como o desvio da média do genótipo em relação

à média geral e é estimado por $\hat{\tau}_i = \bar{y}_i - \bar{y}_..$, que satisfaz a restrição $\sum_i \hat{\tau}_i = 0$. Analogicamente, δ_j é o efeito aditivo do j-ésimo ambiente e é estimado por $\hat{\delta}_j = \bar{y}_j - \bar{y}_..$, que satisfaz a restrição $\sum_j \hat{\delta}_j = 0$. E, $(\tau\delta)_{ij}$ é o termo de não aditividade, ou seja, a GEI, do i-ésimo genótipo e o j-ésimo ambiente estimado como o resíduo $(\widehat{\tau\delta})_{ij} = \bar{y}_{ij} - \bar{y}_i - \bar{y}_j + \bar{y}_..$ após o ajuste dos efeitos principais (genótipos e ambientes). O $(\widehat{\tau\delta})_{ij}$ satisfaz as restrições $\sum_i \sum_j (\widehat{\tau\delta})_{ij} = \sum_i (\widehat{\tau\delta})_{ij} = \sum_j (\widehat{\tau\delta})_{ij} = 0$. O termo $\bar{\varepsilon}_{ij}$ é a média dos erros que contribuem para as medidas no i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente. Assume-se que $\bar{\varepsilon}_{ij}$ são independentes e normalmente distribuídos

$\bar{\varepsilon}_{ij} \sim N\left(0, \sigma^2/r\right)$, onde σ^2 são assumidos homoscedásticos (CROSSA;

CORNELIUS, 2002). A presença de não aditividade (GEI) em (1) implica que o valor esperado do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente (Y_{ij}) depende não apenas dos níveis dos genótipos e dos ambientes separadamente mas, também, da combinação específica dos níveis dos genótipos e dos ambientes (GEI). Quando a GEI é significativa, a interpretação dos resultados se torna uma tarefa difícil e desafiadora para os melhoristas surgindo a necessidade de utilizar métodos que os ajudem a avaliar e interpretar a GEI. Para Crossa (1990), uma das principais deficiências da análise de variância convencional de ensaios de produtividade é que ela não explora alguma estrutura latente da GEI. Por isso, tal análise falha ao determinar o padrão de resposta dos genótipos e ambientes. A informação importante contida nos $(g - 1)(e - 1)$ graus de liberdade da GEI é praticamente não aproveitada se nenhuma análise posterior é realizada.

3.2.2. O modelo de Eberhart e Russel (1966)

O uso da regressão linear para identificar genótipos estáveis foi proposto, inicialmente, por Yates e Cochran (1938). Os autores propuseram separar a GEI em um termo multiplicativo e um desvio, para verificar se a GEI é uma função linear do componente ambiental aditivo. Esta abordagem, que se tornou conhecida como análise de regressão conjunta, foi posteriormente proposta por Finlay e Wilkinson (1963), ligeiramente modificada por Eberhart e Russel (1966) e Perkins e Jinks (1968). O modelo de Eberhart-Russel é uma reparametrização do modelo de Finlay-Wilkinson, no qual os coeficientes de regressão médios entre os genótipos tem $E(b_i) = 1$. No modelo de Perkins-Jinks, o coeficiente de regressão médio tem $E(\beta_i) = 0$. Estes três modelos são equivalentes, sendo $b_i = 1 + \beta_i$ (BERNARDO, 2010).

O modelo proposto por Eberhart e Russel (1966) para a análise de regressão conjunta é

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + b_i \delta_j + d_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij} \quad (2)$$

onde Y_{ij} é a média fenotípica observada do genótipo i no ambiente j , $\mu + \tau_i$ é a média do i -ésimo genótipo sobre todos os ambientes, b_i é o coeficiente de regressão linear de Y_{ij} em função de δ_j , o qual descreve a resposta do i -ésimo genótipo à variação ambiental, d_{ij} são os desvios de regressão linear do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente. O efeito do j -ésimo ambiente δ_j é o índice ambiental definido como I_j por Eberhart e Russel (1966), tal que $\sum_j I_j = 0$. E, por último, $\bar{\varepsilon}_{ij}$ é o resíduo, médio entre as repetições, dentro de ambiente, associado ao i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente. No caso particular deste trabalho, foram usadas as observações originais Y_{ijk} , sendo então incluído no modelo os efeitos de blocos (k) dentro de cada ambiente e se trabalhou com o resíduo entre observações no lugar de $\bar{\varepsilon}_{ij}$.

No modelo linear aqui utilizado indica que os componentes $\delta_j + (\tau\delta_{ij})$ em (1) são modelados em (2) como

$$\delta_j + (\tau\delta_{ij}) = b_i\delta_j + d_{ij} \quad (3)$$

O b_i mede a alteração no desempenho médio de um particular genótipo por unidade de alteração no índice do ambiente (BERNARDO, 2010).

Utilizando o modelo (2), Eberhart e Russel (1966) consideraram como genótipo ideal (ideótipo) aquele com $b_i = 1$ e d_{ij} tão pequenos quanto possíveis. A interpretação de b_i (Figura 3) pode ser utilizada para a avaliação quanto à adaptabilidade:

- I. $b_i = 0$ indica que o desempenho de um genótipo é constante entre os ambientes Genótipo A na Figura 3;
- II. $b_i = 1$ indica que a resposta de um genótipo a diferentes ambientes é a mesma que a resposta média de todos os genótipos no experimento. Genótipo B na Figura 3. Genótipos com adaptabilidade geral ou ampla;
- III. $b_i > 1$ indica que um genótipo tem um desempenho melhor nos ambientes favoráveis e desempenho ruim nos ambientes desfavoráveis. Genótipo C na Figura 3. Genótipos com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis;
- IV. $b_i < 1$ indica que um genótipo tem um desempenho melhor nos ambientes desfavoráveis e desempenho ruim nos ambientes favoráveis. Genótipo D na Figura 3. Genótipos com adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis;

E, em relação à estabilidade, pode-se utilizar a interpretação sobre d_{ij} :

- I. Os genótipos que apresentarem $d_{ij} = 0$ (não significância) podem ser considerados de estabilidade ou previsibilidade alta;
- II. Os genótipos que apresentarem $d_{ij} > 0$ podem ser considerados de estabilidade ou previsibilidade baixa;

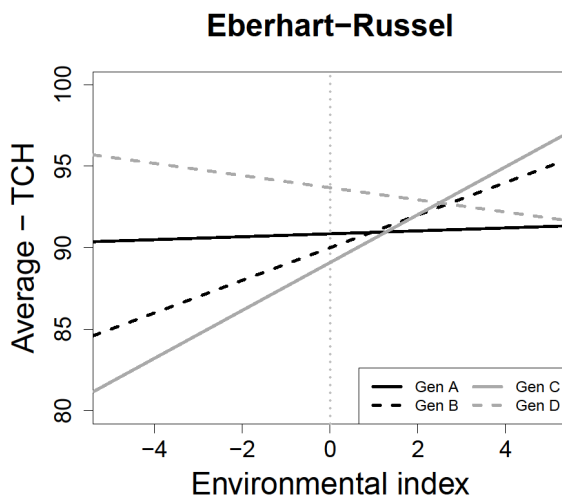


Figura 3. Respostas hipotéticas de quatro genótipos (A, B, C e D) às variações ambientais estimadas segundo o modelo de Eberhart e Russel (1966).

Na Figura 4, utilizando-se valores hipotéticos para os genótipos E, F, G e H, pode-se visualizar, simultaneamente, o desempenho médio dos genótipos (abscissa), o coeficiente de adaptabilidade (b_i , na ordenada) e o coeficiente de estabilidade (d_{ij}), dado pela área do respectivo círculo.

Pelo exposto na Figura 4, o genótipo E pode ser considerado de adaptabilidade geral ou ampla e estabilidade baixa. O genótipo F apresentou uma adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis e estabilidade alta. O genótipo G apresentou uma adaptabilidade específica a ambientes favoráveis e estabilidade baixa (maior desvio entre os quatro genótipos). O genótipo H apresentou um desempenho constante entre os ambientes e estabilidade alta (menor desvio entre os quatro genótipos).

A significância estatística de ambos os parâmetros, b_i e d_{ij} , podem ser verificadas através de testes estatísticos como descritos a seguir.

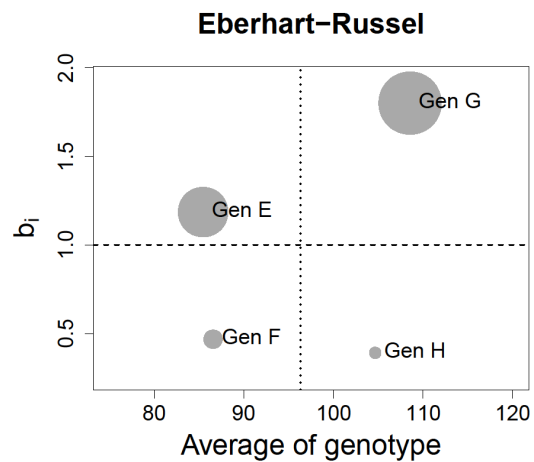


Figura 4. Relação de produtividade, adaptabilidade e estabilidade de dados hipotéticos de quatro genótipos (E, F, G e H) segundo o modelo de Eberhart e Russel (1966).

3.2.2.1. Estimadores e testes de significância estatística - Eberhart e Russel (1966)

O estimador BLUE (Best Linear Unbiased Estimator) do valor médio de cada genótipo i ($\hat{b}_{0i} = \mu + \tau_i$), $i = 1, \dots, g$, e do coeficiente de regressão linear (b_i) é obtido, na forma matricial, por:

$$\hat{\beta} = (X'X)^{-1}X'y \quad (4)$$

onde:

$$y = \begin{bmatrix} y_{i1} \\ y_{i2} \\ \vdots \\ y_{ie} \end{bmatrix} \text{ e } X = \begin{bmatrix} 1 & \delta_1 \\ 1 & \delta_2 \\ \vdots & \vdots \\ 1 & \delta_e \end{bmatrix}$$

Logo,

$$X'X = \begin{bmatrix} e & 0 \\ 0 & \sum_j \delta_j^2 \end{bmatrix}; (X'X)^{-1} = \frac{1}{e \sum_j \delta_j^2} \begin{bmatrix} \sum_j \delta_j^2 & 0 \\ 0 & e \end{bmatrix} \text{ e}$$

onde: e é o número total de ambientes j ($j = 1, \dots, e$).

$$X'y = \begin{bmatrix} \bar{y}_i \\ \sum_j y_{ij} \delta_j \end{bmatrix}$$

portanto,

$$\hat{\beta} = \begin{bmatrix} \hat{b}_{0i} \\ \hat{b}_i \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \bar{y}_i \\ \frac{\sum_j y_{ij} \delta_j}{\sum_j \delta_j^2} \end{bmatrix}$$

Nesse caso, o teste estatístico recomendado para verificar a hipótese nula $H_0: b_i = 1$ é dado por:

$$t = \frac{\hat{b}_i - 1}{\sqrt{\widehat{Var}(\hat{b}_i)}}$$

em que:

$$\widehat{Var}(\hat{b}_i) = \frac{1}{\sum_j \delta_j^2} \hat{\sigma}_\varepsilon^2; \widehat{Var}(\hat{b}_{0i}) = \frac{1}{e} \hat{\sigma}_\varepsilon^2 \text{ e } \hat{\sigma}_\varepsilon^2 = \frac{MSE}{r}$$

O desempenho de cada genótipo pode ser predito usando as estimativas dos parâmetros, $\hat{y}_{ij} = \bar{y}_i + \hat{b}_i \delta_j$. A medida de estabilidade ($s_{d_{ij}}^2$) é dada pela equação:

$$s_{d_{ij}}^2 = \frac{\left[\sum_j y_{ij}^2 \frac{y_{i.}^2}{m} \right] - \frac{(\sum_j y_{ij} \delta_j)^2}{\sum_j \delta_j^2}}{m-2} - \hat{\sigma}_\varepsilon^2 \quad (5)$$

onde, m é o número de graus de liberdade dos resíduos e $\hat{\sigma}_\varepsilon^2$ é a estimativa do erro médio (ou a variância da média do genótipo no j -ésimo ambiente). A medida de previsibilidade do comportamento linear (r_i^2), é estimada por:

$$r_i^2 = \frac{SS_{Regression}}{SS_{Total}} = \frac{\hat{b}_i^2 \left[\sum_j \delta_j^2 / (m-1) \right]}{r \left[\frac{(\sum_j y_{ij}^2 - \frac{y_{i.}^2}{e})}{e-1} \right]} \quad (6)$$

Durante o processamento das análises, foram obtidas soluções simultâneas dos b_i e dos desvios (d_{ij}) pela minimização do $\bar{\epsilon}_{ij}$ (2). Nesta forma, o modelo (2) é de posto não completo e a solução é um estimador similar ao efeito linear quando os efeitos dos desvios são não significativos.

As quantidades necessárias para o cálculo do valor observado da estatística de teste são comumente dispostas em uma tabela de análise de variância univariada (ANOVA), conforme a Tabela 4. Pelo exposto nesta tabela, os efeitos de todas as fontes de variação (genótipo, ambiente, GEI, etc.) são testados pela estatística F, onde o denominador dessa estatística, para todos os efeitos, é o QM (erro médio).

Como já mencionado anteriormente, este método permite que se faça o desdobramento das somas de quadrados da GEI em duas partes, uma devida à regressão linear e a outra aos desvios de regressão. Crossa (1990), argumenta que tais métodos, baseados na análise de regressão linear, não são informativos se a linearidade falhar, sendo fortemente dependente do grupo de genótipos e ambientes incluídos na análise e tende a simplificar modelos de resposta por explicar a variação devida à interação em uma única dimensão, quando na realidade ela pode ser bastante complexa, alertando para o risco em sacrificar informações relevantes para facilitar interpretações estatísticas e biológicas. Duarte e Vencovsky (1999), acrescentam ainda o fato desses procedimentos, em geral, não informarem sobre interações específicas de genótipos com ambientes (se positivas ou negativas) dificultando explorar vantajosamente os efeitos da interação.

Do ponto de vista teórico, uma condição suficiente para a regressão ser uma reta é a distribuição conjunta da produtividade e do índice ambiental ser uma normal bivariada (HOGG; CRAIG, 1965). No citado texto é demonstrado que o valor esperado para a inclinação da reta é $\rho * (\sigma_2/\sigma_1)$, onde ρ é o coeficiente de correlação, σ_2 e σ_1 são os desvios padrões do índice ambiental e da produtividade, respectivamente, o que permite, se esses parâmetros forem conhecidos, predizer as respostas ilustradas na Figura 3. Quanto maiores ρ e σ_2 e menor σ_1 , maior o coeficiente b (inclinação da reta). Quanto maior ρ , maior a plasticidade (capacidade de adaptação) a todos ambientes.

Tabela 4. ANOVA para o modelo de Eberhart e Russel (1966).

Fonte de variação	Graus de liberdade (GL)	Soma de Quadrados (SQ)	Quadrado médio (QM)	Estatística do teste F
<i>Genótipo (G)</i>	$g - 1$	$SQ(G)$	QM_G	$QM_G / QM(\text{erro médio})$
<i>Ambiente (E)</i>	$e - 1$	$SQ(E)$	QM_E	$QM_E / QM(\text{erro médio})$
<i>Interação (GEI)</i>	$(g - 1)(e - 1)$	$SQ(GEI)$	QM_{GEI}	$QM_{GEI} / QM(\text{erro médio})$
<i>Bloco (Ambiente)</i>	$(r - 1)e$	$SQ(\text{Bloco}(\text{Ambiente}))$	$QM_{\text{Bloco}(\text{Ambiente})}$	$\frac{QM_{\text{Bloco}(\text{Ambiente})}}{QM(\text{erro médio})}$
Recálculo dos efeitos de interação e de ambiente:				
<i>Amb linear Gen₁</i>	1	$SQ(\text{Amb linear Gen}_1)$	$QM_{\text{Amb linear Gen}_1}$	$\frac{QM_{\text{Amb linear Gen}_1}}{QM(\text{erro médio})}$
<i>Desvio linear Gen₁</i>	$g - 2$	$SQ(\text{Desvio linear Gen}_1)$	$QM_{\text{Desvio linear Gen}_1}$	$\frac{QM_{\text{Desvio linear Gen}_1}}{QM(\text{erro médio})}$
<i>Amb linear Gen₂</i>	1	$SQ(\text{Amb Linear Gen}_2)$	$QM_{\text{Amb linear Gen}_2}$	$\frac{QM_{\text{Amb linear Gen}_2}}{QM(\text{erro médio})}$
<i>Desvio linear Gen₂</i>	$g - 2$	$SQ(\text{Desvio linear Gen}_2)$	$QM_{\text{Desvio linear Gen}_2}$	$\frac{QM_{\text{Desvio linear Gen}_2}}{QM(\text{erro médio})}$
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
<i>Amb linear Gen_g</i>	1	$SQ(\text{Amb Linear Gen}_g)$	$QM_{\text{Amb linear Gen}_g}$	$\frac{QM_{\text{Amb linear Gen}_g}}{QM(\text{erro médio})}$
<i>Desvio linear Gen_g</i>	$g - 2$	$SQ(\text{Desvio linear Gen}_g)$	$QM_{\text{Desvio linear Gen}_g}$	$\frac{QM_{\text{Desvio linear Gen}_g}}{QM(\text{erro médio})}$
<i>Erro médio</i>	$(g - 1)(r - 1)e$	$SQ(\text{erro médio})$	$QM(\text{erro médio})$	-
<i>Total</i>	$ger - 1$	$SQ(\text{total})$	$QM(\text{total})$	-

g: número de genótipos; e: número de ambientes; r: número de repetições (blocos); Bloco (Ambiente): blocos dentro de ambiente; Erro médio: interação bloco x genótipo dentro de cada ambiente.

Obs.: com o modelo dessa ANOVA foi separado os efeitos de blocos dentro de ambientes.

3.2.3. O modelo AMMI

Segundo Dias (2005) muitos estudos observacionais ou experimentais produzem uma tabela de dupla entrada a ser analisada. Tais tabelas contém dois fatores, o primeiro fator tem g níveis e o segundo tem e níveis, onde há r observações repetidas em cada combinação dos níveis dos fatores, então, os resultados estarão dispostos em uma tabela tendo $(g \times r)$ linhas e e colunas. Um exemplo típico de uma tabela de dupla entrada surge no melhoramento de plantas, onde ensaios multi-ambientes (MET) são importantes para testar adaptação geral e específica dos genótipos. Os genótipos são influenciados pelas diferentes condições ambientais e mostrarão significativa variação na performance de produção relativa a outros genótipos. Este tipo de comportamento é conhecido como GEI.

A Tabela 5 apresenta a estrutura inerente à tabela de dupla entrada oriundos dos MET. Os genótipos encontram-se dispostos nas linhas da tabela e os ambientes, nos quais os genótipos foram testados, nas colunas.

Tabela 5. Valor médio de cada combinação de genótipo e ambiente, obtida de r repetições em um experimento com conjunto de dados balanceados e vetores marginais de médias de linhas e colunas da matriz $Y_{(gxe)}$, onde $\bar{Y}_{..}$ é a média geral dos dados.

Genótipos (G)	Ambientes (E)					Médias
	E_1	E_2	E_3	...	E_e	
G_1	\bar{Y}_{11}	\bar{Y}_{12}	\bar{Y}_{13}	...	\bar{Y}_{1e}	$\bar{Y}_{1.}$
G_2	\bar{Y}_{21}	\bar{Y}_{22}	\bar{Y}_{23}	...	\bar{Y}_{2e}	$\bar{Y}_{2.}$
\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\ddots	\vdots	\vdots
G_g	\bar{Y}_{g1}	\bar{Y}_{g2}	\bar{Y}_{g3}	...	\bar{Y}_{ge}	$\bar{Y}_{g.}$
Médias	$\bar{Y}_{.1}$	$\bar{Y}_{.2}$	$\bar{Y}_{.3}$...	$\bar{Y}_{.e}$	$\bar{Y}_{..}$

Segundo Duarte e Vencovsky (1999) o modelo apresentado em (1) é o mais simples e comum para a análise estatística de um conjunto de dados com essa estrutura, ou seja:

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \delta_j + (\tau\delta_{ij}) + \bar{\epsilon}_{ij}$$

Desta forma, Y_{ij} é a média fenotípica observada do genótipo i no ambiente j (observação da i -ésima linha e j -ésima coluna da tabela), μ é a média geral entre todos os genótipos e ambientes, τ_i é o efeito aditivo do i -ésimo genótipo ou o efeito da i -ésima linha, δ_j é o efeito aditivo do j -ésimo ambiente ou o efeito da j -ésima coluna e $(\tau\delta)_{ij}$ pode ser visto como resíduo ou como os termos da interação específica entre linhas e colunas (GEI). É possível que os termos $(\tau\delta)_{ij}$ ainda contenham alguma estrutura. Em consequência, Gollob (1968) e Mandel (1969, 1971), citados por Dias (2005), propuseram modelá-los por um conjunto de componentes multiplicativos adicionados aos erros residuais

$$(\tau\delta)_{ij} = \sum_{k=1}^m \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \epsilon_{ij} \quad (7)$$

onde: λ_k é o k -ésimo valor singular ou a raiz quadrada do k -ésimo maior autovalor da matriz $(GE)(GE)'$ e $(GE)'(GE)$, as quais tem iguais autovalores não nulos; α_{ik} é o i -ésimo elemento do autovetor de $(GE)(GE)'$ associado com λ_k^2 ; γ_{jk} é o j -ésimo elemento do autovetor de $(GE)'(GE)$ associado com λ_k^2 , sendo o número de componentes $m \leq \min\{g-1, e-1\}$ escolhido de tal forma que o resíduo ϵ_{ij} represente ruído branco.

Ao combinar as expressões em (1) e (7) obtém-se um modelo de efeito principal aditivo e interação multiplicativa (AMMI) para tabela de dupla entrada:

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \delta_j + \sum_{k=1}^m \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \bar{\epsilon}_{ij} \quad (8)$$

no qual, o componente aditivo do modelo é representado por:

$$\mu + \tau_i + \delta_j$$

e, $(\tau\delta)_{ij}$, é o componente multiplicativo do modelo, representado por:

$$\sum_{k=1}^m \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \epsilon_{ij}$$

sob as restrições:

$$\sum_i \tau_i = \sum_j \delta_j = \sum_i (\tau\delta)_{ij} = \sum_j (\tau\delta)_{ij} = 0$$

Dias (2005) relata que, neste modelo, a GEI é expressa como uma soma de componentes, cada um multiplicado por λ_k , para um efeito genotípico (α_{ik}) e um efeito ambiental (γ_{jk}). O termo λ_k é a proporção da variância devida à GEI no k -ésimo componente. Os efeitos α_{ik} e γ_{jk} representam, respectivamente, pesos para o i -ésimo genótipo e o j -ésimo ambiente, naquele componente da interação (λ_k^2). O posto de GE é $s = \min\{g - 1, e - 1\}$, de tal forma que o índice k na soma de componentes multiplicativos pode variar de 1 até s . O uso de todos os componentes (s) recupera toda a variação: $SS(GEI) = \sum_{k=1}^s \lambda_k^2$ e o modelo é saturado de tal maneira que ele produz um ajuste exato dos dados, sem termo residual para testar os efeitos (exceto na situação quando um resíduo independente é estimado). Quando $m < s$ o modelo é dito truncado. Entretanto, AMMI não tenta recuperar toda a SS (GEI) mas somente aqueles componentes mais expressivos quanto aos genótipos e ambientes. Os primeiros componentes principais nos modelos AMMI e ACP retêm maior quantidade da informação original pois a construção dos autovetores é feita iniciando pelo autovalor de maior valor seguido dos demais construídos com a variabilidade remanescente ($\lambda_1^2 \geq \lambda_2^2 \geq \dots \geq \lambda_k^2$).

Contudo, faz-se necessário saber o número de termos multiplicativos (componentes) a incluir no modelo AMMI para explicar a GEI. Do ponto de vista estatístico, conforme Dias (2005), diferentes métodos para definir o número de componentes multiplicativos fornecem diferentes resultados para um particular conjunto de dados, de tal forma que os usuários desses modelos necessitam de alguma orientação sobre qual método utilizar. Por ser uma questão ainda em aberto, os usuários do AMMI, na prática, utilizam o primeiro ou os dois primeiros componentes principais pois constituem dimensões práticas de fáceis interpretações,

e que, em grande parte dos estudos, projetam quantidade relevante da variabilidade contida nas variáveis originais.

O modelo AMMI, recomendado por Crossa (1990) e Duarte e Vencovsky (1999), como descrito acima, nada mais é do que a combinação entre a análise de variância convencional e ACP, que pode ser tratada diretamente através da técnica matemática denominada decomposição por valores singulares (DVS). O AMMI se baseia, inicialmente, na estimação de efeitos aditivos dos genótipos e dos ambientes pelo método de análise de variância. Em seguida, os resíduos obtidos a partir dessa matriz constituem a matriz de interações onde são estimados os efeitos da GEI, considerados multiplicativos, utilizando a ACP.

3.2.3.1. Determinação do número ótimo de termos multiplicativos no modelo AMMI

Dias (2005) lembra que o principal objetivo é a predição da verdadeira característica da resposta na célula em tabelas de dupla entrada de genótipos e ambientes, como na Tabela 5. Duas abordagens tem sido desenvolvidas para determinar o número ótimo de termos multiplicativos a serem retidos no modelo AMMI: (i) “preditiva” e (ii) “posdictiva” (FOX; CROSSA; ROMAGOSA, 1997). Na abordagem “preditiva” o método mais utilizado é o da validação cruzada, no qual as repetições para cada combinação de genótipos e ambientes são aleatoriamente divididas em dois subgrupos: (i) dados para o ajuste do modelo AMMI e (ii) dados para a validação do mesmo e, posterior, aplicação em dados de MET. Cornelius e Crossa (1999) ressaltam que os dados devem ser ajustados para diferentes repetições dentro de ambientes. A abordagem “posdictiva” procura por um modelo que explique uma grande parte da variação nos dados observados e utiliza testes de hipóteses sobre o k-ésimo componente, $H_{0k} : \lambda_k = 0$, usando o conjunto de dados completos (e não um subconjunto como no procedimento de validação cruzada). Esses testes são baseados em soma de quadrados sequenciais explicadas por termos multiplicativos.

Nesta tese, utilizou-se apenas o método de Gollob (1968), baseado no teste F aproximado, conforme apresentado na Tabela 6, pois, além de ser de fácil aplicação, encontra-se implementado no pacote “agricolae” (MENDIBURU, 2013) do ambiente computacional R (R Core Team, 2013).

Tabela 6. Esquema do modelo AMMI, pelo procedimento de Gollob (1968) para atribuição de graus de liberdade aos componentes principais da GEI.

Fonte de variação	Graus de liberdade (GL)	Soma de Quadrados (SQ)	Quadrado médio (QM)	Estatística do teste F
Genótipo (G)	$g - 1$	$SQ(G)$	QM_G	-
Ambiente (E)	$e - 1$	$SQ(E)$	QM_E	-
Interação (GEI)	$(g - 1)(e - 1)$	$SQ(GEI)$	QM_{GEI}	-
$IPCA_1$	$g + e - 1 - (2x1)$	λ_1^2	QM_{IPCA1}	$QM_{IPCA1}/QM(\text{erro médio})$
$IPCA_2$	$g + e - 1 - (2x2)$	λ_2^2	QM_{IPCA2}	$QM_{IPCA2}/QM(\text{erro médio})$
$IPCA_3$	$g + e - 1 - (2x3)$	λ_3^2	QM_{IPCA3}	$QM_{IPCA3}/QM(\text{erro médio})$
\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots
$IPCA_s$	$g + e - 1 - (2xs)$	λ_s^2	QM_{IPCA_s}	$QM_{IPCA_s}/QM(\text{erro médio})$
Erro médio	$(g - 1)(r - 1)e$	$SQ(\text{erro médio})$	$QM(\text{erro médio})$	-
Total	$ger - 1$	$SQ(\text{total})$	$QM(\text{total})$	-

g: número de genótipos; e: número de ambientes; r: número de repetições (blocos); λ : valor singular da matriz $(GE)(GE)'(GE)'(GE)$; posto: $s = \min\{g - 1, e - 1\}$; IPCA: eixo da interação da ACP.

Gollob (1968) atribui graus de liberdade às somas de quadrados, contando o número de parâmetros no m-ésimo termo multiplicativo. Para o m-ésimo termo da interação $IPCA_m$, $GL(IPCA_m) = g + e - 1 - 2m$. Assim, o teste F é calculado como na análise de variância convencional.

A seleção do número de componentes foi feita considerando $\alpha = 0,05$ (α é o nível de significância prefixado do teste para cada $IPCA_m$). Portanto, rejeita-se a hipótese $H_{0k} : \lambda_k = 0$, se o p-valor da estatística do teste associado a cada $IPCA_m$ for menor que 5%, ou seja, o referido $IPCA_m$ é significativo para explicar a GEI.

Pode-se notar que no procedimento de Gollob (1968), o número de graus de liberdade para o m-ésimo componente da interação é simplesmente definido como $GL(IPCA_m) = g + e - 1 - 2m$, enquanto muitos outros procedimentos requerem simulações extensivas antes de serem usadas. Algumas críticas são feitas para o

procedimento de Gollob (1968). O teste F aproximado de Gollob (1968) assume que é distribuído como qui-quadrado e, então, segundo Dias (2005), obviamente não é válido. Segundo Piepho (1995), em seu trabalho que investigou a robustez (para as suposições de normalidade e homoscedasticidade dos resíduos) de alguns testes para selecionar componentes de um modelo AMMI, o teste F aplicado de acordo com o critério de Gollob (1968) é liberal, selecionando muitos termos multiplicativos para o modelo AMMI.

Após definir o número ótimo de componentes significativos pode-se explicitar qual o modelo da família AMMI será utilizado no estudo em questão. Por exemplo, se nenhum componente for considerado significativo pelo procedimento de Gollob (1968) tem-se o modelo $AMMI_0$, que contém apenas os efeitos aditivos de genótipos e ambientes, sem a presença da GEI. Caso um componente seja considerado significativo tem-se o modelo $AMMI_1$, que contém um componente, o qual está explicando a GEI, além dos efeitos aditivos de genótipos e ambientes. Para dois componentes significativos tem-se o modelo $AMMI_2$, que contém dois componentes, os quais estão explicando a GEI, além dos efeitos aditivos de genótipos e ambientes e, assim por diante. Como dito anteriormente, na prática, os mais utilizados são os modelos $AMMI_1$ e $AMMI_2$.

Segundo Duarte e Vencovsky (1999), após selecionar o membro da família de modelos ($AMMI_0, AMMI_1, AMMI_2, \dots, AMMI_s$) que melhor descreva a estrutura dos dados, é possível prever a resposta de cada genótipo em cada ambiente (\hat{Y}_{ij}) com base no modelo escolhido:

$$\hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..} + \sum_{k=1}^m \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} \quad (k = 1, 2, \dots, s) \quad (9)$$

onde, m é o número de componentes principais selecionados para descrever o padrão da GEI ($m \leq s$). Na Tabela 7 visualiza-se as diferentes formas que a expressão (9) pode assumir, conforme o modelo AMMI escolhido. Quando a seleção recai sobre $AMMI_s$ (modelo completo com todos os termos multiplicativos), a resposta esperada equivale à média da casela relativa ao genótipo i no ambiente j , ou seja, a média das r repetições do genótipo naquele ambiente.

Duarte e Vencovsky (1999) ressaltam que um modelo AMMI não se restringe à descrição da interação, pois sempre contempla também os efeitos principais. É possível, sim, não incluir termo algum de interação ($AMMI_0$), quando nenhum deles se mostrar significativo. Entretanto, na maior parte das pesquisas em genética e melhoramento de plantas, a GEI é significativa, de maneira que pelo menos um termo multiplicativo normalmente deve ser incluído na predição das respostas.

Tabela 7. Expressão da resposta esperada do genótipo i no ambiente j (\hat{Y}_{ij}) para cada modelo AMMI.

Modelo AMMI selecionado	Expressão
$AMMI_0$	$\hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_i + \bar{Y}_j - \bar{Y}_{..}$
$AMMI_1$	$\hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_i + \bar{Y}_j - \bar{Y}_{..} + \lambda_1 \alpha_{i1} \gamma_{j1}$
$AMMI_2$	$\hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_i + \bar{Y}_j - \bar{Y}_{..} + \lambda_1 \alpha_{i1} \gamma_{j1} + \lambda_2 \alpha_{i2} \gamma_{j2}$
⋮	⋮
$AMMI_s$	$\hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_i + \bar{Y}_j - \bar{Y}_{..} + \lambda_1 \alpha_{i1} \gamma_{j1} + \lambda_2 \alpha_{i2} \gamma_{j2} + \dots + \lambda_s \alpha_{is} \gamma_{js}$

3.2.3.2. Biplot AMMI

Como escrito anteriormente, o AMMI se baseia, inicialmente, na estimação de efeitos aditivos dos genótipos e dos ambientes pelo método de análise de variância. Em seguida, os resíduos obtidos a partir dessa matriz constituem a matriz de interações onde são estimados os efeitos da GEI, considerados multiplicativos, utilizando a ACP. Após esses passos, pode-se obter o gráfico biplot, que é uma representação gráfica em que as linhas e as colunas são apresentadas em um gráfico com duas ou três dimensões (GABRIEL, 1971), não sendo exclusivo da análise AMMI. Outras técnicas multivariadas também utilizam o gráfico biplot que contribui na interpretação dos resultados permitindo visualizar as interações positivas ou negativas entre os genótipos e os ambientes.

Para Duarte e Vencovsky (1999) a interpretação de um gráfico biplot quanto à GEI é feita observando-se a magnitude e o sinal dos escores de genótipos e ambientes para o(s) eixo(s) que representa(m) a GEI. Assim, os escores baixos

(próximos de zero) são próprios de genótipos e ambientes que contribuem pouco para a GEI, caracterizando como estáveis. Tais genótipos podem ser recomendados amplamente desde que tenham médias elevadas em relação aos cultivares comerciais (cultivar padrão). A adaptabilidade é verificada avaliando a interação positiva da GEI. Nesse sentido, observa-se os produtos entre os escores de genótipos e os escores de ambientes, os quais fornecem as estimativas dos efeitos da interação. Os efeitos positivos desses produtos indicam as situações favoráveis dos genótipos àqueles ambientes. Essas relações adaptativas, também podem ser verificadas no gráfico biplot, verificando-se os sinais dos escores para cada par de genótipo e ambiente. As indicações das adaptabilidades estão associadas aos genótipos e ambientes com escores de mesmo sinal, evidenciando um sinergismo adaptativo. Por outro lado, genótipos e ambientes com escores de sinais opostos, indicam um certo antagonismo, com uma combinação desfavorável de genótipo e ambiente.

Os escores dos genótipos e ambientes foram obtidos pela decomposição aproximada por m componentes:

$$\sum_{k=1}^m \left(\lambda_k^{1/2} \gamma_k \right) \left(\lambda_k^{1/2} \alpha'_k \right) \quad (10)$$

Ao considerar o modelo $AMMI_1$, a estabilidade é avaliada verificando-se as ordenadas do primeiro componente principal (PC_1). Logo, ao plotar os escores do PC_1 (ordenada) versus o valor médio de cada genótipo (abscissa), como na Figura 5, os pontos situados na faixa horizontal, próximos de zero, em relação ao PC_1 , correspondem aos genótipos e ambientes de maior estabilidade. Para o modelo $AMMI_2$, como na Figura 6, os genótipos e ambientes mais estáveis são aqueles cujos pontos situam-se próximo à origem (0,0), ou seja, com escores praticamente nulos para os dois eixos da GEI (PC_1 e PC_2), que são próprios de genótipos e ambientes que contribuíram pouco ou quase nada para a GEI.

Segundo Lavoranti (2003), há uma certa dificuldade para se estabelecer critérios para a quantificação dos escores como “baixos” visando à estabilidade dos genótipos. Na prática, muitas vezes, esse critério é subjetivo com base na

Para os modelos $AMMI_2$ e $AMMI_3$ definiu-se a região de confiança de 95%, baseada no quadrado da distância de Mahalanobis, para o vetor de médias dos escores dos $IPCA_1 \times IPCA_2$ de genótipos e ambientes, dada por:

$$(\bar{\theta}_k - \theta_k)' S_{\theta_k}^{-1} (\bar{\theta}_k - \theta_k) \leq \frac{2(n-1)}{n(n-2)} F_{2,n-2}(\alpha)$$

em que, $k = g$ ou $k = e$, para genótipos ou ambientes, respectivamente; n é o número de escores envolvidos (\mathbf{g} escores para genótipos e \mathbf{e} escores para ambientes); $\bar{\theta}_k$ é o vetor de médias dos escores (vetor nulo); θ_k é o vetor dos escores observados; e $S_{\theta_k}^{-1}$ é a inversa da matriz de covariâncias dos escores.

Para saber se um dado genótipo ou ambiente pertence à região de confiança estabelecida, verifica se os valores $[n(\bar{\theta}_k - \theta_k)' S_{\theta_k}^{-1} (\bar{\theta}_k - \theta_k)]$ são menores que $\frac{2(n-1)}{(n-2)} F_{2,n-2}(\alpha)$. Em caso afirmativo, são considerados estáveis, e caso contrário, instáveis.

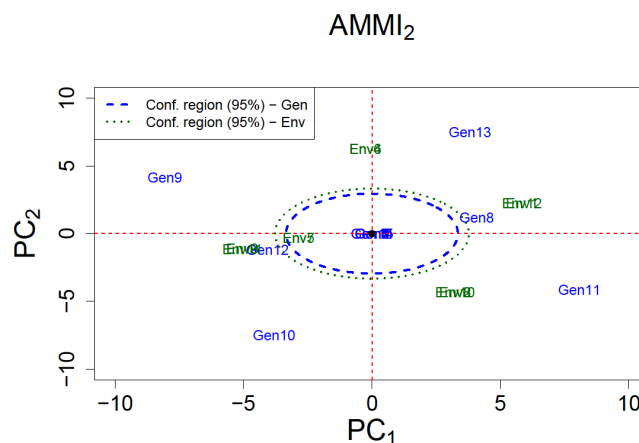


Figura 6. Gráfico biplot do modelo $AMMI_2$ com as respectivas regiões de confiança (95%) de genótipos e ambientes para os dados da 200ª réplica do caso 63.

3.2.4. Modelo misto – REML/BLUP

Segundo Resende (2007), a avaliação de materiais genéticos em experimentos de campo tem dois objetivos: (i) inferir sobre valores genotípicos de tais materiais; e (ii) ordenar os materiais genéticos com base em seus valores genotípicos, visto que a média fenotípica carrega os efeitos de blocos, parcelas e efeitos ambientais aleatórios que não se repetirão quando forem plantados novamente em plantios comerciais, mesmo que seja no mesmo local ou região da experimentação. Como tais efeitos estão embutidos em alguma proporção nas médias fenotípicas, isto prova que tais médias não são adequadas para inferência sobre os valores genotípicos dos materiais genéticos. Assim, na estimação ou predição dos valores genotípicos, o mais importante é a escolha do método de estimação ou predição.

Rigorosamente, a seleção pode ser vista como um problema puramente estatístico, visto que na prática seleciona-se uma porcentagem de indivíduos segundo seus valores genéticos, que seguem uma distribuição de probabilidade. Lush (1931) foi o primeiro cientista a utilizar preditores de valores genéticos baseados em médias condicionais e Cochran (1951) estendeu as propriedades ótimas destes preditores para quaisquer distribuições. O modelo misto corresponde ao modelo linear que incorpora ambos os efeitos, fixos e aleatórios. Porém, esta definição, não considera a média geral (intercepto) e os erros (resíduos), os quais são, respectivamente, efeitos fixo e aleatório em todos os modelos lineares usuais.

O modelo misto foi apresentado por Henderson (1973), mas, foi concebido por volta de 1949 pelo próprio Henderson. Neste modelo, os candidatos à seleção são variáveis aleatórias não observáveis pertencentes a mais que uma população, e o mérito de cada candidato é a soma da média da população mais o valor predito da variável aleatória associada ao candidato. Neste caso, a seleção depende, também, de efeitos fixos desconhecidos. Este método foi formalmente e amplamente divulgado a partir da década de 1970 e ficou conhecido como BLUP (**B**est **L**inear **U**nbiased **P**redictor), em português, melhor predição linear não viciada ou não tendenciosa. O BLUP é um estimador do tipo “shrinkage”. Um estimador do tipo

“shrinkage” pode ser visto como um coeficiente de confiabilidade que, no caso dos experimentos de desempenho genotípico, é função da herdabilidade ao nível de médias por meio das repetições. Em outras palavras, a média fenotípica é ajustada pelo fator de confiabilidade, que é um estimador do tipo “shrinkage”.

Ressalta-se que o interesse do melhorista e do produtor rural é sobre os fenótipos que ainda não foram observados, uma vez que o número de locais para realizar experimentação é restrito e é impossível avaliar todas as condições ambientais existentes para se praticar uma seleção “perfeita”. Assim, ao realizar análises estatísticas sob modelos com efeitos fixos de genótipos propicia inferências sobre os fenótipos que já foram observados. Somente a análise estatística sob modelos do tipo “shrinkage” (por exemplo, com efeitos aleatórios de genótipos) propicia inferências sobre os fenótipos que ainda não foram observados. O melhorista precisa, também, definir estratégias para conduzir da melhor maneira o programa de melhoramento genético e, para isto, faz-se necessário estimar os parâmetros genéticos tais quais a herdabilidade e correlações genéticas por meio da estimação de componentes de variância.

Entretanto, a experimentação de campo está associada a desbalanceamento de dados devido a vários motivos: (i) perdas de plantas e parcelas; (ii) rede experimental com diferentes números de repetições; (iii) perda de locais sob avaliação na rede experimental fazendo que não seja possível a avaliação de todas as combinações de genótipos por ambiente, dentre outros. Assim, conforme Resende (2007), o procedimento ótimo de avaliação genotípica refere-se ao REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/ melhor predição linear não viciada), também denominado genericamente de método de modelo misto. Esses dois métodos são relacionados, uma vez que BLUP assume que os componentes de variância apropriados são conhecidos, enquanto que o método REML estima os componentes de variância de uma forma iterativa a partir das estimativas BLUP de efeitos aleatórios. Embora as propriedades básicas destas técnicas têm sido conhecidas há décadas, por causa das suas exigências computacionais, a sua aplicação prática é um fenômeno muito recente. BLUP tem sido o método dominante para estimar os valores genéticos (LYNCH; WALSH, 1997).

Resende (2007) argumenta que, durante muito tempo, a análise de variância univariada (ANOVA) e a análise de regressão foram as principais abordagens para análise e modelagem estatística. Porém, estas técnicas tem limitações para lidar com dados desbalanceados e com parentesco entre tratamentos. O método REML (**RE**stricted **M**aximum **L**ikelihood), que é uma generalização da ANOVA para situações mais complexas, permite lidar com essa situação, permitindo maior flexibilidade e eficiência na modelagem. As principais vantagens práticas do REML/BLUP são:

- i.* Permite comparar indivíduos ou variedades através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos);
- ii.* Permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos;
- iii.* Permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos);
- iv.* Pode ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais;
- v.* Permite utilizar simultaneamente um grande número de informações, provenientes de diferentes gerações, locais e idades, gerando estimativas e predições mais precisas;
- vi.* Permite o ajuste de vários modelos alternativos, podendo-se escolher o que se ajusta melhor aos dados e, ao mesmo tempo, é parcimonioso (apresenta menor número de parâmetros).

Além disto, nos estudos de avaliação da GEI, o método REML/BLUP tem grande habilidade para explicar a GEI, para informar sobre interações específicas positivas ou negativas com ambientes e para decompor a interação em termos padrão ou tendências e ruídos (RESENDE, 2007).

O procedimento REML exige normalidade para que os estimadores tenham propriedades desejáveis. Entretanto, segundo Harville (1977) e Meyer (1989), citados por Resende (2007), os estimadores REML são também apropriados quando não se verifica normalidade dos dados. Lynch e Walsh (1997) relatam que os estimadores REML podem, muitas vezes, ser bastantes robustos às violações da suposição de normalidade.

Muitas características importantes das culturas comerciais, por exemplo, a cana-de-açúcar, são controladas por poligenes com vários tipos de efeitos genéticos que são afetados pelo ambiente. Usualmente, nas últimas fases de seleção dos programas de melhoramento, os ensaios de produtividade são replicados em vários ambientes para selecionar os genótipos baseados em produtividade e outras características importantes economicamente. Efetivamente, a estrutura do erro em experimentos de programas de melhoramento é muito mais complexa do que aquele considerado em modelos lineares usuais para dados convencionais (BALZARINI, 2001). O método REML/BLUP permite considerar diferentes estruturas de variância e covariância para os efeitos de genótipos e de ambientes, o que torna o modelo mais realístico.

Considere um vetor coluna y contendo os valores fenotípicos para a característica medida em n indivíduos. Assume-se que estas observações são descritas adequadamente por um modelo linear com um vetor $p \times 1$ de efeitos fixos (β) e um vetor $q \times 1$ de efeitos aleatórios (u). O primeiro elemento do vetor β é, usualmente, a média geral, e os outros fatores incluídos podem ser o local, sexo, família, tratamento experimental, e assim por diante. Os elementos do vetor u de efeitos aleatórios são, usualmente, efeitos genéticos. Na forma matricial,

$$y = X\beta + Zu + e \quad (11)$$

onde X e Z são, respectivamente, matrizes de incidências $n \times p$ e $n \times q$ (X é também chamada de matriz de delineamento), e e é um vetor coluna de resíduos assumidos serem distribuídos independentemente dos efeitos genéticos aleatórios. Usualmente, todos os elementos das matrizes de incidência são iguais a zero (ausência) ou um (presença), dependendo se o efeito relevante contribui ou não para o fenótipo do indivíduo, uma vez que, por definição, $E(u) = E(e) = 0$, $E(y) = X\beta$. A matriz de covariância ($n \times n$) do vetor e dos resíduos é definida por R e a matriz de covariância ($q \times q$) do vetor u de efeitos genéticos aleatórios definida por G . Excluindo a diferença entre indivíduos devido aos efeitos fixos e assumindo que u e e são não correlacionados, a matriz de covariância para o vetor de observações y é dada por

$$V = ZGZ' + R$$

o primeiro termo considera a contribuição dos efeitos genéticos aleatórios, enquanto o segundo termo considera a variância devido aos efeitos residuais. Geralmente, assume-se que os resíduos tem variância constante e são não correlacionados, assim R é uma matriz diagonal, com $R = \sigma_E^2 I$. No modelo misto, observamos y , X e Z enquanto que β , u , R e G são geralmente desconhecidos. Assim, a análise via modelo misto apresenta duas questões complementares de estimação: (i) estimação dos vetores de efeitos fixos e aleatórios, β e u ; e (ii) estimação das matrizes de covariância G e R . Estas matrizes de covariância são geralmente assumidas como sendo função de alguns componentes de variância desconhecidos. Inferências sobre os efeitos fixos tem sido chamado de estimativas, enquanto que aqueles que dizem respeito aos efeitos aleatórios são conhecidos como predições (LYNCH; WALSH, 1997).

Para o modelo misto dado pela equação (11), o estimador de β é dado por

$$\hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y \quad (12)$$

e o BLUP de u é dado por

$$\hat{u} = GZ'V^{-1}(y - X\hat{\beta}) \quad (13)$$

que é equivalente à esperança condicional de u dado y sob a hipótese de normalidade multivariada. Pode-se notar acima que, para a aplicação prática de ambas as expressões, é necessário que os componentes de variância sejam conhecidos. Assim, antes do BLUP, os componentes de variância precisam ser estimados pela ANOVA ou REML. Nesta tese, optou-se pelo método REML durante a análise via modelo misto.

Note que a solução do estimador em (12) e do preditor em (13) exigem a inversa da matriz de covariância V (V^{-1}). Na prática, o cálculo desta inversa (V^{-1}) não é tão simples. Uma maneira de contornar este problema, Henderson

(1973) ofereceu um método mais compacto para obter conjuntamente $\hat{\beta}$ e \hat{u} na forma das Equações de Modelo Misto, em inglês, **Mixed-Model Equations (MME)**,

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix} \quad (14)$$

MME apresenta algumas vantagens: (i) as submatrizes em (14) são muito mais fáceis de calcular do que V^{-1} ; (ii) a matriz que precisa ser invertida para obter a solução de $\hat{\beta}$ e \hat{u} é da ordem $(p + q) \times (p + q)$, que é consideravelmente de menor dimensionalidade em relação a V ($n \times n$). Ressalta-se que MME não dependem da normalidade, e que $\hat{\beta}$ e \hat{u} são BLUE e BLUP, respectivamente, sob condições gerais desde que as variâncias sejam conhecidas.

A extensão relativamente simples da MME fornece estimativas dos erros padrões dos efeitos fixos e aleatórios. Considere a inversa da matriz do lado esquerdo da equação (14)

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} \\ C'_{12} & C_{22} \end{bmatrix} \quad (15)$$

onde C_{11} , C_{12} e C_{22} , são, respectivamente, submatrizes $p \times p$, $p \times q$ e $q \times q$. Usando esta notação, Henderson (1975) mostrou que a matriz de covariância amostral para o BLUE de β é dada por

$$\sigma(\hat{\beta}) = C_{11}$$

que a matriz de covariância amostral dos erros de predição ($\hat{u} - u$) é dada por

$$\sigma(\hat{u} - u) = C_{22}$$

e que a matriz de covariância amostral dos efeitos estimados e erros de predição é dada por

$$\sigma(\hat{\beta}, \hat{u} - u) = C_{12}$$

Considera-se $(\hat{u} - u)$ em vez de \hat{u} uma vez que esta estatística inclui tanto a variância do erro de predição quanto dos próprios efeitos aleatórios u . Os erros padrões dos efeitos fixos e aleatórios são obtidos, respectivamente, como a raiz quadrada dos elementos da diagonal de C_{11} e C_{22} (LYNCH; WALSH, 1997).

Durante as análises, a significância estatística da solução da predição dos efeitos aleatórios no modelo misto foram verificadas, utilizando as seguintes hipóteses:

$$\begin{aligned} H_0 &: \hat{u}_i - u_i = 0 \\ H_A &: \hat{u}_i - u_i \neq 0 \end{aligned}$$

Se $H_0 : \hat{u}_i - u_i = 0$ for rejeitada, isto determina que o referido efeito aleatório está contribuindo para a variabilidade da variável resposta y . A estatística do teste é dada por

$$t_o = \frac{\hat{u}_i - u_i}{\sqrt{\hat{\sigma}^2 D_{jj}}} = \frac{\hat{u}_i - u_i}{[\hat{\sigma}(\hat{u}_i - u_i)]} \quad (16)$$

onde D_{jj} é o j -ésimo elemento diagonal de C_{22} . Se $t_o > t_{(\alpha/2, \text{GLRes})}$ rejeita-se H_0 , o que implica na contribuição significativa do efeito aleatório em questão. Utilizou-se $\alpha = 0,05$ e “GLRes” refere-se ao número de graus de liberdade dos resíduos.

Para a avaliação da GEI via modelos mistos, utilizou-se o seguinte modelo estatístico:

$$y = X\beta + Zu + W\gamma + \varepsilon \quad (17)$$

em que: y é o vetor de dados observados; β é o vetor dos efeitos dos blocos dentro de cada ambiente (assumidos como fixos); u é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios); γ é o vetor dos efeitos da GEI (assumidos como aleatórios); e ε é o vetor de erros (aleatórios). As letras

maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. As distribuições dos efeitos aleatórios foram: $\mu | \sigma_\mu^2 \sim N(0, I\sigma_\mu^2)$, $\gamma | \sigma_\gamma^2 \sim N(0, I\sigma_\gamma^2)$ e $\varepsilon | \sigma_\varepsilon^2 \sim N(0, I\sigma_\varepsilon^2)$. Nenhuma estrutura de variância e covariância entre os efeitos foi considerada.

3.3. Critérios para detectar a GEI em cada método

Para detectar a GEI em cada um dos métodos (ER, AMMI e modelo misto) utilizou-se os seguintes critérios: (i) no método de ER, a significância estatística (p-value < 0.05) dos desvios de regressão (\hat{a}_{ij}); (ii) no AMMI, não pertencer ao intervalo de confiança (AMMI₁) ou à região de confiança (AMMI₂ e AMMI₃); (iii) no modelo misto, a significância estatística (p-value < 0.05) do efeito aleatório.

3.4. Ambiente computacional para simulação e análise de dados

Neste trabalho utilizou o ambiente computacional R (R Core Team, 2013), versão 3.0.1, para a geração dos dados pertencentes aos diferentes cenários de simulação e, também, para a análise estatística dos dados. Foram utilizados no ambiente R, além dos pacotes da distribuição base, os pacotes “agricolae” (MENDIBURU, 2013) para a utilização do modelo AMMI e, “lme4” (BATES; MAECHLER; BOLKER, 2013) para a utilização do modelo misto. Maiores informações sobre a utilização do ambiente R podem ser encontradas em Matloff (2011).

Os códigos em R utilizados nesta tese podem ser solicitados nos endereços eletrônicos: perecin@fcav.unesp.br; guiferraudo@gmail.com.

A simulação dos dados e as análises estatísticas foram realizadas em um notebook da marca Acer, modelo Aspire 4741-6258 (ano 2010), 64 bits, processador Intel i5, 500GB de HD e 4 GB de memória RAM. O sistema operacional Linux

Ubuntu 13.04 (2013) foi instalado neste computador sob a seguinte plataforma:
"x86_64-pc-linux-gnu".

REFERÊNCIAS

- BALZARINI, M. Applications of mixed models in plant breeding. In: KANG, M. S. (Ed.). **Quantitative genetics, genomics and plant breeding**. New York: CABI Publishing, 2001. cap. 23, p. 353-363.
- BATES, D.; MAECHLER, M.; BOLKER, B. **lme4**: linear mixed-effects models using Eigen and syntax. R package version 0.999999-2. 2013. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=lme4>>. Acesso em: 02 ago. 2013.
- BERNARDO, R. Genotype x environment interaction. In: _____ (Ed.). **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 2010. cap. 8, p. 177-203.
- COCHRAN, W. G. Improvement by means of selection. In: SYMPOSIUM ON MATHEMATICAL STATISTICS AND PROBABILITY, 2., 1951, Berkeley. **Proceedings...** Berkeley: University of California Press, 1951. p. 449-470.
- CORNELIUS, P. L.; CROSSA, J. Prediction assessment of shrinkage estimators of multiplicative model for multi-environment cultivar trials. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 3, p. 998-1009, 1999.
- CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 44, p. 55-85, 1990.
- CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L. Linear-Bilinear models for genotype-environment interaction. In: KANG, M. S. (Ed.). **Quantitative genetics, genomics and plant breeding**. New York: CAB Publishing, 2001. cap. 20, p. 305-322.
- DIAS, C. T. S. **Métodos para escolha de componentes em modelo de efeito principal aditivo e interação multiplicativa (AMMI)**. 2005. 73 f. Tese (Livre-Docência para o Departamento de Ciências Exatas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.
- DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise “AMMI”**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60 p. (Série Monografias, 9).
- EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 1, n. 6, p. 36-40, 1966.
- FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, Collingwood, v. 14, n. 6, p. 742-754, 1963.

FISHER, R. A. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Transactions of the Royal Society**, Edinburgh, v. 52, n. 2, p. 399-433, 1918.

FOX, P. N.; CROSSA, J.; ROMAGOSA, I. Multi-environmental testing and genotype x environment interaction. In: KEMPTON, R. A.; FOX, P. N. (Ed.). **Statistical methods for plant variety evaluation**. London: Chapman & Hall, 1997. p. 117-138.

GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal components analysis. **Biometrika**, Oxford, v. 58, n. 3, p. 453-467, 1971.

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

HARVILLE, D. A. Maximum likelihood approaches to variance component estimation and to related problems. **Journal of the American Statistical Association**, v. 72, n. 2, p. 320-328, 1977.

HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOUR OF J. LUSH, 1973, Champaign. **Proceedings...** Champaign: American Society of Animal Science, 1973. p. 10-41.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, Chichester, v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975.

HOGG, R. V.; CRAIG, A. T. Some special distributions. In: _____. (Ed.). **Introduction to mathematical statistics**. 2. ed. New York: Macmillan, 1965. p. 103-104.

LAVORANTI, O. J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem "BOOTSTRAP" no modelo AMMI**. 2003. 166 p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

LUSH, J. L. The number of daughters necessary to prove a sire. **Journal of Dairy Science**, New York, v. 14, n. 3, p. 209-220, 1931.

LYNCH, M.; WALSH, B. Genotype x environment interaction. In: _____. (Ed.). **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer, 1997. cap. 22, p. 657-683.

MANDEL, J. The partitioning of interaction in analysis of variance. **Journal of Research of the National Bureau of Standards, Series B**, Hoboken, v. 73B, n. 4, p. 309-328, 1969.

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

MATLOFF, N. **The art of R programming**: a tour of statistical software design. San Francisco: No Starch Press, 2011. 373 p.

MENDIBURU, F. **Agricolae**: statistical procedures for agricultural research. R package version 1.1-4. 2013. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=agricolae>>. Acesso em: 2 ago. 2013.

MEYER, K. Estimation of genetic parameters. In: HILL, W. G.; MACKAY, T. F. C. (Ed.). **Evolution and animal breeding**. Wallingford: CAB International, 1989. p. 161-167.

PIEPHO, H. P. Robustness of statistical test for multiplicative terms in additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trial. **Theoretical Applied of Genetics**, Heidelberg, v. 90, p. 438-443, 1995.

R CORE TEAM. **R**: a language and environment for statistical computing. Vienna, Áustria: R Foundation for Statistical Computing, 2013. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>> . Acesso em: 02 ago. 2013.

RESENDE, M. D. V. Estimação e predição em modelos lineares mistos. In: _____. (Ed.). **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. p. 371-396.

SISTEMA Operacional Livre: Ubuntu. Disponível em: <<http://www.ubuntu.com/>>. Acesso em: 23 ago. 2013.

YATES, F.; COCHRAN, W. G. The analysis of groups of experiments. **The Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 28, n. 4, p. 556-580, 1938.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Tempo de simulação

A seguir, na Tabela 8, apresenta-se o status final do tempo gasto com a análise dos resultados por cada método. Vale a pena lembrar a quantidade de informação simulada: sessenta e três casos foram avaliados e, para cada caso, tem-se 540 observações (15 genótipos x 12 ambientes x 3 repetições = 540) e 1000 réplicas. Cada caso foi analisado pelos três métodos anteriormente citados. No total, cada um dos três métodos avaliaram trinta e quatro milhões e vinte mil dados (540 observações x 1000 réplicas x 63 casos = 34.020.000).

Tabela 8. Tempo (h) total gasto com a análise dos resultados por cada método e o valor total, considerando todos os métodos.

Método	Tempo (h)
<i>Misto (BLUP /REML)</i>	51,27
<i>AMMI</i>	43,89
<i>Eberhart e Russel</i>	647,50
<i>ANOVA</i>	0,77
<i>Total</i>	743,43

Assim, o tempo total gasto com a análise dos resultados das simulações foi de 743,43 horas. Dividindo este valor por 24, temos o tempo total gasto em dias. Aproximadamente, foram gastos 31 dias. O método de Eberhart e Russel foi o que consumiu maior quantidade de tempo de simulação enquanto que o AMMI foi o que consumiu menos.

Vale ressaltar que o desempenho de qualquer código de programação é influenciado pelos seguintes fatores: (i) a quantidade de informação; (ii) a capacidade de processamento do computador que, por sua vez, depende da arquitetura do software e do hardware utilizados; e (iii) a eficiência do código de programação. A eficiência do código é influenciada pela lógica de programação e

pelo domínio que o usuário tem sobre a linguagem de programação utilizada. Portanto, pode-se verificar que o tempo de simulação pode diminuir ou aumentar conforme a combinação desses três fatores. Desta forma, o tempo gasto com simulação na presente tese é um caso particular, podendo ser melhorado em estudos futuros.

4.2. Resultados da simulação

Pelos resultados expostos na Tabela 1A, verifica-se que somente em dois casos (10 e 12) a GEI não foi significativa em todas as réplicas (1000). As siglas destes dois casos são: (i) caso 10, E1-EG_1HMD-RSD; e (ii) caso 12, E1-EG_1MDL-RSD. Os dois casos tem em comum a realização de uma única troca entre genótipos dentro dos ambientes neutros (E1 - efeito nulo de ambiente).

A alta ocorrência de significância da GEI nos casos simulados, mostra que, de alguma forma, a interação gerada foi gerada com sucesso. Apenas algumas réplicas dentro dos casos 10 e 12, não apresentaram GEI significativa, ou seja, nestas situações, as trocas não foram suficientes para tornar a GEI significativa.

Após verificada a significância estatística da GEI por meio da ANOVA usual, aplicou-se os três métodos anteriormente descritos no capítulo anterior para avaliar a GEI e, assim, (i) determinar a eficiência de cada método na detecção da GEI; e (ii) discutir as particularidades dos mesmos.

A avaliação da GEI foi verificada, inicialmente, pelo método tradicional de Eberhart-Russel (ER), baseado na análise de regressão.

Pelos resultados expostos na Tabela 2A, em todos os sessenta e três casos, exceto para os genótipos onde as trocas foram realizadas, as estimativas de b_i para cada genótipo, apresentaram valores iguais a um ($\hat{b}_i = 1$) e os valores dos desvios (\hat{d}_{ij}) foram, na sua totalidade, não significativos. Assim, tais genótipos apresentaram adaptabilidade ampla ($\hat{b}_i = 1$) e estabilidade alta ($\hat{d}_{ij} = 0$). Um exemplo desta condição pode ser visto na Figura 7 (a).

Para todos os sessenta e três casos, considerando os genótipos que foram trocados (ou uma ou duas ou três trocas), as estimativas dos desvios (\widehat{d}_{ij}) foram significativas, em cem por cento dos casos. Desta forma, não há razão para interpretar as estimativas de b_i obtidas via modelo de Eberhart-Russel, visto que há um desvio de regressão significativo. Em outras palavras, para um certo genótipo, existindo uma falta de ajuste, a reta passa a ser inadequada para explicar o comportamento deste genótipo frente à variação ambiental. Por exemplo, no caso 11, não se pode afirmar que o genótipo 1 apresenta adaptabilidade específica a ambientes favoráveis ($\widehat{b}_i = 2,14$), uma vez que, em cem por cento dos casos, as estimativas dos desvios (\widehat{d}_{ij}) foram significativas conforme pode ser visto na Figura 7 (b).

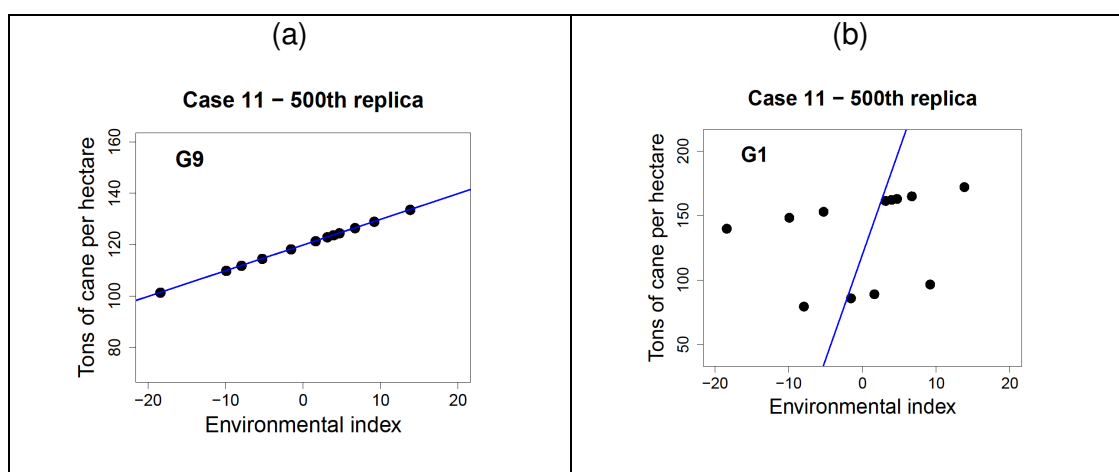


Figura 7. (a) Desempenho médio do genótipo 9 (G9) em função do índice ambiental (pontos pretos) e a reta de regressão (linha azul) ajustada pelo método de Eberhart-Russel para os dados da 500ª réplica do caso 11. (b) Desempenho médio do genótipo 1 (G1) em função do índice ambiental (pontos pretos) e a reta de regressão (linha azul) ajustada pelo método de Eberhart-Russel para os dados da 500ª réplica do caso 11.

Após a avaliação da GEI pelo método de Eberhart-Russel, aplicou-se o método AMMI, baseado em análise multivariada.

Pelos resultados expostos na Tabela 3A, para os casos: 1 a 27 (todos tipos de troca dentro dos ambientes neutros – E1), apenas o primeiro componente principal apresentou-se como significativo, portanto, o modelo AMMI para esses casos seria o $AMMI_1$, e a estabilidade é avaliada verificando-se as ordenadas do

primeiro componente principal (PC_1). Os casos 28, 29 e 30; 34, 35 e 36; 40, 41 e 42; 46, 47 e 48; 52, 53 e 54; 58, 59 e 60 apresentaram em comum as trocas entre dois genótipos dentro dos ambientes E2 e E3. Para estes casos os dois primeiros componentes principais apresentaram-se como significativos, portanto, o modelo AMMI para esses casos seria o $AMMI_2$, sendo os genótipos e ambientes mais estáveis, aqueles cujos pontos situam-se próximo à origem (0,0), ou seja, com escores praticamente nulos para os dois eixos da GEI (PC_1 e PC_2), que são próprios de genótipos e ambientes que contribuíram pouco ou quase nada para a GEI. Os casos: 28, 29 e 30; 34, 35 e 36; 40, 41 e 42; 46, 47 e 48; 52, 53 e 54; 58, 59 e 60 caracterizaram-se (i) pela ocorrência de duas trocas de genótipos para forçar a GEI; e (ii) por estas trocas terem ocorridas entre os melhores e piores ambientes (E2) ou sendo não estruturadas dentro de cada grupo de ambiente (E3), ou seja, trocas um pouco mais rigorosas que as realizadas nos casos 1 a 27.

Por último, os casos 31, 32 e 33; 37, 38 e 39; 43, 44 e 45; 49, 50 e 51; 55, 56 e 57; 61, 62 e 63 apresentaram em comum as trocas entre três genótipos dentro dos ambientes E2 e E3. Para estes casos, os três primeiros componentes principais apresentaram-se como significativos, portanto, o modelo AMMI para os mesmos seria o $AMMI_3$, sendo os genótipos e ambientes mais estáveis, aqueles cujos pontos situam-se próximo à origem (0,0,0), ou seja, com escores praticamente nulos para os três eixos da GEI (PC_1 , PC_2 e PC_3), que são próprios de genótipos e ambientes que contribuíram pouco ou quase nada para a GEI. Os casos 31, 32 e 33; 37, 38 e 39; 43, 44 e 45; 49, 50 e 51; 55, 56 e 57; 61, 62 e 63 caracterizaram-se (i) pela ocorrência de três trocas de genótipos para forçar a GEI; e (ii) por estas trocas terem ocorridas entre os melhores e piores ambientes (E2) ou sendo não estruturadas dentro de cada grupo de ambiente (E3), ou seja, trocas ainda mais rigorosas que as realizadas nos casos: 1 a 27 e, um pouco mais rigorosas que as realizadas nos casos 28, 29 e 30; 34, 35 e 36; 40, 41 e 42; 46, 47 e 48; 52, 53 e 54; 58, 59 e 60.

Desta forma, pelo método AMMI, visualizou-se a presença de padrões de interações simples e complexas entre os sessenta e três casos simulados. As interações complexas ocorreram nos casos 31, 32 e 33; 37, 38 e 39; 43, 44 e 45; 49, 50 e 51; 55, 56 e 57; 61, 62 e 63, onde foi necessário os três primeiros componentes principais para captar grande parte do “padrão”, relegando aos eixos subsequentes,

cada vez menos “padrão” e mais “ruídos”. Este resultado corrobora com Crossa et al. (1991), citados por Duarte e Vencovsky (1999), na avaliação da GEI em ensaios de trigo. Quanto maior o número de eixos (componentes principais) necessários para explicar a GEI mais complexo é o padrão da interação. Por outro lado, para os casos 1 a 27; 28, 29 e 30; 34, 35 e 36; 40, 41 e 42; 46, 47 e 48; 52, 53 e 54; 58, 59 e 60 foram necessários o primeiro ou os dois primeiros componentes principais para detectar grande parte do “padrão” existente nos dados, assim, caracterizando um padrão de interação de menor complexidade nesses casos.

Os gráficos biplots dos modelos $AMMI_1$, $AMMI_2$ e $AMMI_3$, para algumas situações específicas, podem ser visualizados na Figura 8, Figura 9 e Figura 10, respectivamente. Vale ressaltar a dificuldade em se interpretar o gráfico biplot, como pode ser observado na Figura 10. Este, por ser um gráfico tridimensional e, assim, de difícil interpretação, é muito pouco utilizado pelos analistas durante a avaliação da GEI via AMMI.

Em relação à estabilidade estatística dos genótipos pode-se verificar pela Tabela 3A que, para todos os sessenta e três casos analisados, o método AMMI identificou de maneira efetiva (100% dos casos) a GEI, uma vez que os genótipos que não sofreram trocas, dentro de cada caso, não mostraram ser significativos (0%). Verifica-se que este método, por meio do intervalo de confiança ($AMMI_1$) ou da região de confiança ($AMMI_2$ e $AMMI_3$), detectou a GEI provocada pela troca entre os genótipos que foram trocados.

Em outras palavras, em cada um dos sessenta e três casos, os genótipos que sofreram as trocas não estavam inclusos ora no intervalo de confiança ($AMMI_1$) ora na região de confiança ($AMMI_2$ e $AMMI_3$) caracterizando, assim, a presença da GEI. Tais genótipos, por estarem distante da origem, apresentaram características específicas, portanto, diferentes dos outros genótipos que não sofreram qualquer tipo de troca. Em relação à estabilidade estatística dos ambientes, pode-se verificar pela Tabela 3A que, todos os ambientes estavam inclusos ou no intervalo de confiança ($AMMI_1$) ou na região de confiança ($AMMI_2$ e $AMMI_3$).

Por último, aplicou-se o método REML/BLUP, também conhecido como modelo misto.

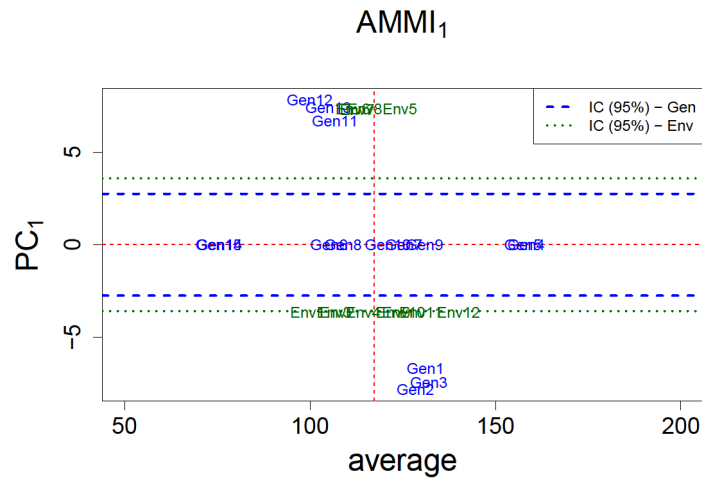


Figura 8. Gráfico biplot do modelo $AMMI_1$ com os respectivos intervalos de confiança (95%) de genótipos e ambientes para os dados da 820^a réplica do caso 17.

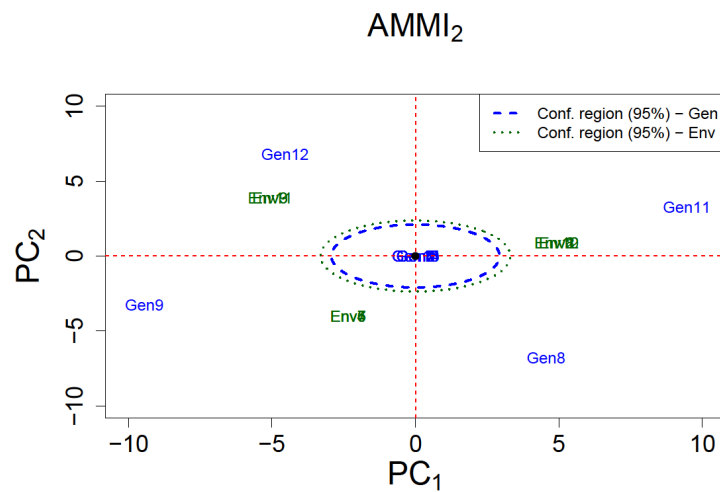


Figura 9. Gráfico biplot do modelo $AMMI_2$ com as respectivas regiões de confiança (95%) de genótipos e ambientes para os dados da 55^a réplica do caso 60.

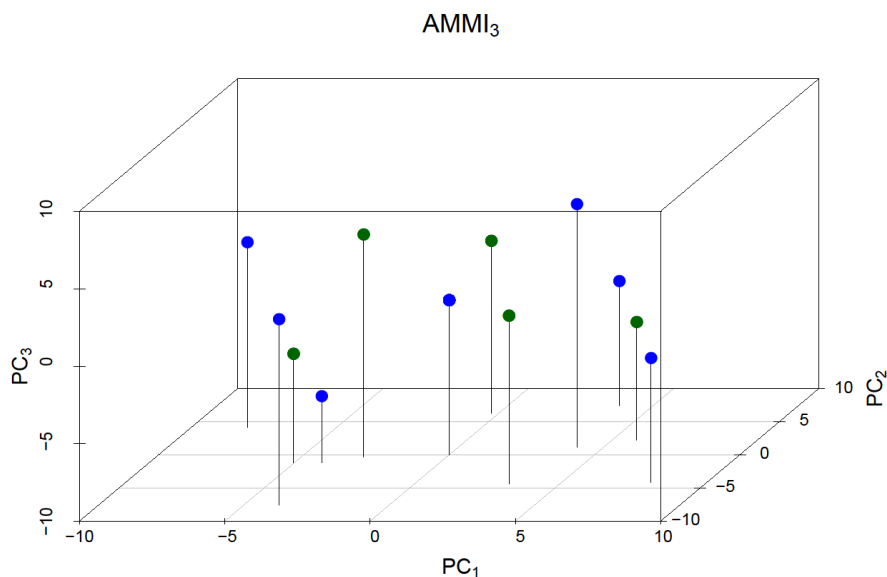


Figura 10. Gráfico biplot do modelo AMMI₃ de genótipos (pontos azuis) e ambientes (pontos verdes) para os dados da 200^a réplica do caso 63.

No método de modelo misto a GEI foi determinada pela significância estatística de tais efeitos como descrito no capítulo anterior. Inicialmente, antes de analisar a GEI, analisaram-se apenas os efeitos principais de genótipos (livre da GEI), segundo os resultados expostos na tabela 4A. Pelos resultados expostos nesta tabela, verifica-se que o método de modelo misto apresentou sensibilidade para detectar a significância dos efeitos principais de genótipos. Isto pode ser verificado pela porcentagem de significância deste efeito, em cada um dos sessenta e três casos, uma vez que, cada caso, apresenta uma distribuição peculiar dos valores de TCH conforme descrito na seção 3.1. Por exemplo, conforme a Tabela 1A, nos casos 8 e 17 as trocas foram entre genótipos de alta (G1, G2 e G3) e baixa (G11, G12 e G13) produtividade dentro de E1 e, para estes genótipos, as porcentagens médias de significância do efeito principal de genótipo foram 56% e 54%, para os casos 8 e 17, respectivamente. Nestes dois casos, os genótipos do grupo de média produtividade (G6, G7, G8, G9 e G10), os quais não sofreram trocas, apresentaram, em média, 0% e 0,5% de significância do efeito principal de genótipo, respectivamente. Os quatro genótipos (G4, G5, G14 e G15) restantes

apresentaram, em média, 100% de significância do efeito principal de genótipo em ambos os casos.

No caso 34 as trocas foram entre genótipos de alta (G1 e G2) e média (G6 e G7) produtividade dentro de E2 e, para estes genótipos, as porcentagens médias de significância do efeito principal de genótipo foram 99,5%. Neste caso, os genótipos do grupo de média produtividade (G8, G9 e G10), os quais não sofreram trocas apresentaram, em média, 27% de significância do efeito principal de genótipo. Os oito genótipos (G3, G4, G5, G11 a G15) restantes apresentaram, em média, 100% de significância do efeito principal de genótipo.

Para o caso 55, as trocas foram entre genótipos de alta (G1, G2 e G3) e média (G6, G7 e G8) produtividade dentro de E3 e, para estes genótipos, as porcentagens médias de significância do efeito principal de genótipo foram 97,3%. Neste caso, os genótipos do grupo de média produtividade (G9 e G10), os quais não sofreram trocas apresentaram, em média, 16,5% de significância do efeito principal de genótipo. Os sete genótipos (G4, G5, G11 a G15) restantes apresentaram, em média, 100% de significância do efeito principal de genótipo.

Após analisar os efeitos principais dos genótipos analisaram-se os vinte e sete primeiros casos (todos os tipos de trocas dentro de E1) e, para estes casos, os ambientes onde ocorreram as trocas (Env5, Env6, Env7 e Env8). Pelos resultados expostos na coluna "BLUP/GenCEnvC" (Tabela 1A), em todos os vinte e sete casos, relativos ao ambiente E1, os efeitos da GEI dos genótipos trocados nestes ambientes apresentaram-se como significativos estatisticamente ($p < 0,05$), exceto nos casos 10 e 12. Nestes dois casos, o efeito da GEI dos genótipos trocados foi detectada em 95% e 94%, respectivamente, nos ambientes onde ocorreram as trocas. Agora, considerando os valores da coluna "BLUP/GenCEnvNC", dos mesmos vinte e sete casos (Tabela 1A), a qual considera os mesmos genótipos que foram trocados em cada caso, porém, nos ambientes onde não ocorreram as trocas destes genótipos, verificou-se a significância estatística da GEI em uma menor porcentagem. Os casos 10, 12, 13, 15, 16 e 18 apresentaram as menores porcentagem de significância estatística do efeito da GEI para os ambientes onde não ocorreram as trocas dos genótipos. Destes casos, o 10 e o 12 foram os que apresentaram as menores porcentagens de significância estatística do efeito da GEI,

78% e 77%, respectivamente, considerando o total de vinte e sete casos (Tabela 1A). Os casos 13, 15, 16 e 18 apresentaram, em média, 91% de significância estatística do efeito da GEI. Os casos 10, 12, 13, 15, 16 e 18 são pertencentes ao CENÁRIO 2 (RSD) – aleatório com desvio padrão igual a 8 t ha^{-1} . Os casos 13 e 15 tem em comum a troca entre dois genótipos e, os casos 16 e 18 a troca entre três genótipos. A semelhança entre os casos 10 e 12 foi discutida no início desta seção.

Em seguida, analisaram-se os dezoito casos seguintes (de 28 a 45 – onde ocorreram todos os tipos de trocas dentro de E2 conforme Tabela 1A). O efeito da GEI dos genótipos trocados foi detectado eficientemente, com um mínimo de 98%, nos casos 28, 29, 30, 32, 35, 38, 40, 41, 42 e 44, sendo que para estes dez casos, o efeito da GEI dos mesmos genótipos foi significativo (maior ou igual a 98%) até nos ambientes onde as trocas não foram realizadas (Env5, Env6, Env7 e Env8). Para os casos 31, 33, 34, 36, 37, 39, 43 e 45, a eficiência (porcentagem) na detecção do efeito da GEI foi reduzida. Destes oito casos, apenas nos casos 34 e 36 foram realizadas duas trocas entre genótipos. A porcentagem de significância estatística do efeito da GEI dos genótipos que sofreram trocas nos ambientes onde as mesmas foram realizadas foi de 91% e 90%, para os casos 34 e 36, respectivamente, e de 96% e 95%, respectivamente, para os mesmos genótipos nos ambientes onde as trocas não foram realizadas. Para os casos restantes (31, 33, 37, 39, 43 e 45), onde foram realizadas três trocas entre genótipos, obteve-se que, em média, 67% de significância estatística do efeito da GEI dos genótipos que sofreram trocas nos ambientes onde as trocas foram realizadas, enquanto que, em média, para os mesmos genótipos nos ambientes que não houveram trocas a significância foi de 76%.

Neste momento, utilizando o genótipo G10 no caso 45 se pode mostrar algumas particularidades sobre a avaliação da GEI sob a ótica de cada um dos modelos. Na Figura 11 apresenta-se o desempenho médio do genótipo G10 ajustado pelo modelo de Eberhart-Russel. Pelo exposto na Tabela 2A o modelo mostrou-se inadequado para explicar o comportamento de TCH médio deste genótipo frente à variação ambiental (índice ambiental), ou seja, o modelo apresentou falta de ajuste significativo ($\widehat{d}_{ij} \neq 0$). Entretanto, como pode ser visualizado no biplot da Figura 12, o modelo AMMI₂ identificou a GEI positiva entre o

genótipo G10 com os ambientes Env5, Env6, Env7 e Env8, uma vez que G10 e estes quatro ambientes apresentam escores de mesmo sinal (distantes da origem) além de apresentarem proximidade geométrica neste biplot. Assim, ao interpretar o biplot deste modelo AMMI, pode-se dizer que existe a GEI positiva do G10 com os ambientes onde não houveram trocas. Ao avaliar a detecção desta GEI via modelo misto, pelo exposto na Tabela 5A, pode-se verificar que o genótipo G10 no caso 45 apresentou uma baixa porcentagem de detecção nos ambientes Env2 a Env11. O modelo misto detectou a GEI entre G10 e os dois ambientes extremos Env1 (melhor) e Env12 (pior) em 100% dos casos, e a GEI entre G10 e os dez ambientes restantes: Env2 a Env11 em 23% das vezes. Isso mostra como os três modelos captam de maneira diferente a GEI. Resende (2007) relata que os métodos de Eberhart-Russel e AMMI atuam no nível fenotípico enquanto que o modelo misto (REML/BLUP) atua no nível genotípico.

Por último, foram analisados os últimos dezoito casos (de 46 a 63 – onde ocorreram todos os tipos de trocas dentro de E3 conforme Tabela 1A). O efeito da GEI dos genótipos trocados foi detectado com eficiência de 100%, para os casos 47, 50, 53, 56, 58, 59, e 62 tanto nos ambientes onde foram realizadas as trocas quanto nos ambientes onde as trocas não foram realizadas.

Para os casos 46, 48, 49, 51, 60, 61 e 63, a detecção do efeito da GEI para os genótipos trocados foi, em média, de 97% nos ambientes onde houveram trocas e de 98% nos ambientes onde não houveram trocas. Para os casos 52, 54, 55 e 57, a detecção do efeito da GEI para os genótipos trocados foi reduzida, em média, para 79% nos ambientes onde houveram trocas e 86% nos ambientes onde não houveram trocas.

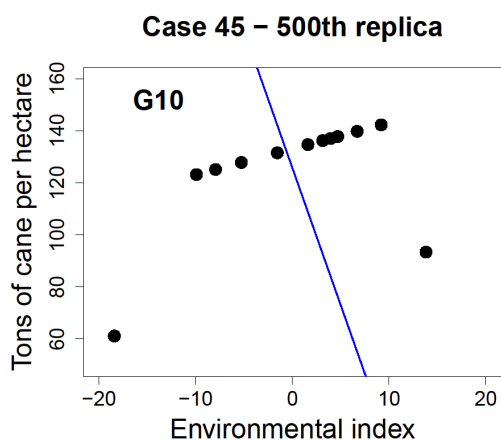


Figura 11. Desempenho médio do genótipo 10 (G10) em função do índice ambiental (pontos pretos) e a reta de regressão (linha azul) ajustada pelo método de Eberhart-Russel para os dados da 500ª réplica do caso final 45.

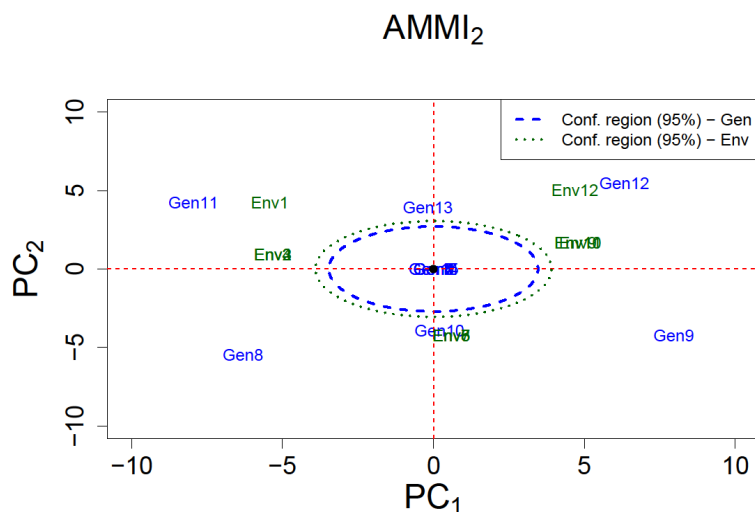


Figura 12. Gráfico biplot do modelo $AMMI_2$ com as respectivas regiões de confiança (95%) de genótipos e ambientes para os dados da 500ª réplica do caso final 45.

Conforme apresentado na coluna “BLUP/GenNC” da Tabela 1A, para os genótipos que não sofreram trocas dentro de cada um dos sessenta e três casos, a GEI não foi detectada (0%) pelo método de modelo misto em nenhum dos casos

sendo que, o mesmo ocorreu para os métodos Eberhart-Russel e AMMI. Vale ressaltar ainda que, como era esperado, para os genótipos que não sofreram algum tipo de troca (G14 e G15), a GEI não foi detectada em nenhum dos sessenta e três casos considerando os três métodos.

Em síntese, em função dos resultados apresentados, pode-se verificar que o modelo de Eberhart-Russel poderá ser uma reta. Uma condição suficiente para isto acontecer, segundo Hogg e Craig (1965), é que a distribuição conjunta da produtividade (TCH) e do índice ambiental seja uma normal bivariada. Esta condição foi verificada para os genótipos que foram trocados, sendo que os respectivos valores dos desvios (\widehat{d}_{ij}) mostraram-se significativos, o que invalidou a interpretação acerca das estimativas de b_i de tais genótipos neste método. Duarte e Vencovsky (1999), acrescentam ainda o fato de que esses procedimentos, baseados em modelos de regressão, em geral, não informam sobre interações específicas de genótipos com ambientes (se positivas ou negativas) dificultando explorar vantajosamente os efeitos da interação.

As informações sobre interações específicas foram exploradas vantajosamente a partir dos métodos (i) AMMI e (ii) modelo misto (REML/BLUP). Segundo Resende (2007), a utilização do modelo misto (REML/BLUP) e do AMMI permitem informar sobre interações específicas positivas ou negativas com ambientes e para decompor a interação em termos padrão ou tendências e ruídos. Entretanto, as informações sobre interações específicas são detectadas de maneiras diferentes por tais métodos. O método AMMI, por estimar apenas os efeitos principais de genótipos e de ambientes e utilizar ACP, que é uma análise exploratória de dados, baseia-se nos sinais dos escores (distantes da origem) e na proximidade geométrica visualizada em um biplot entre um dado genótipo com um dado ambiente para descrever o tipo de interação (positiva ou negativa), o que faz com que a interpretação sobre interações específicas seja subjetiva. Deve-se ressaltar que a proximidade geométrica entre genótipos e ambientes com escores de mesmo sinal informa sobre propriedades específicas da interação entre eles. Por outro lado, como o modelo misto estima os efeitos multiplicativos das interações específicas, há um efeito para cada interação específica entre um genótipo e um ambiente e uma incerteza associada ao mesmo.

Os resultados obtidos neste trabalho permitiram estabelecer três considerações gerais:

1. A utilização do método de ER deve-se iniciar pela verificação, obrigatória, da significância estatística dos valores dos desvios de regressão (\hat{a}_{ij}) para cada genótipo. Caso (\hat{a}_{ij}) mostre ser significativo, a interpretação acerca das estimativas de b_i do genótipo em questão, estará prejudicada;
2. Os três métodos estudados detectaram interações somente para os genótipos que sofreram algum tipo de troca, embora respeitando as especificidades de cada método;
3. O modelo misto permitiu levar em conta as diferentes distribuições existentes nos sessenta e três casos simulados indicando ser um método de maior sensibilidade entre os três métodos utilizados. Esta sensibilidade do modelo misto na detecção da GEI fez com que este método mostrasse a significância estatística dos efeitos das interações específicas dos genótipos que sofreram trocas com ambientes onde não houve trocas;

REFERÊNCIAS

CROSSA, J.; FOX, P. N.; PFEIFER, W. H.; RAJARAM, J.; GAUCH, H. G. AMMI adjustment for statistical analysis of an international wheat yield trial. **Theoretical Applied of Genetics**, v. 81, p. 27 - 37, 1991.

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

HOGG, R. V.; CRAIG, A. T. Some special distributions. In: _____. (Ed.). **Introduction to mathematical statistics**. 2. ed. New York: Macmillan, 1965. p. 103-104.

RESENDE, M. D. V. Estimación e predição em modelos lineares mistos. In: _____. (Ed.). **Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. p. 371 - 396.

5. CONCLUSÃO

Em resumo, cada método detecta a GEI de uma maneira diferente. Desta forma, os métodos podem ser utilizados de maneira complementar visando um maior entendimento do fenômeno complexo que é a GEI, desde que sejam respeitadas as limitações inerentes a cada um dos métodos e verificadas as suposições durante a aplicação prática de cada um deles.

APÊNDICE A

Tabela 1A. Porcentagem da significância ($p < 0,05$) da GEI para as seguintes estatísticas: F da GEI na ANOVA (usual ANOVA); desvios de regressão no Eberhart-Russel (ER); escores de genótipos no modelo AMMI fora do intervalo de confiança (AMMI₁) ou da região de confiança (AMMI₂ ou AMMI₃), t associada aos BLUPs da GEI para os genótipos que foram trocados nos ambientes onde ocorreram as trocas (BLUP GenCEnvC); t associada aos efeitos da GEI para os genótipos que foram trocados nos ambientes onde não ocorreram as trocas (BLUP GenCEnvNC) e t associada aos efeitos da GEI para os genótipos que não sofreram algum tipo de troca em todos os ambientes (BLUP GenNC) em cada caso simulado.

Case	Exchanges				GEI					
	# total	Env group	Scenario	Introduced	usual ANOVA	ER	AMMI	BLUP GenCEnvC	BLUP GenCEnvNC	BLUP GenNC
1	1	E1	RCV / EG_1HMD	G1-G6	100%	100%	100%	100%	98%	0%
2	1	E1	RCV / EG_1HL	G1-G11	100%	100%	100%	100%	100%	0%
3	1	E1	RCV / EG_1MDL	G6-G11	100%	100%	100%	100%	99%	0%
4	2	E1	RCV / EG_2HMD	G1-G6; G2-G7	100%	100%	100%	100%	99%	0%
5	2	E1	RCV / EG_2HL	G1-G11; G2-G12	100%	100%	100%	100%	100%	0%
6	2	E1	RCV / EG_2MDL	G6-G11; G7-G12	100%	100%	100%	100%	100%	0%
7	3	E1	RCV / EG_3HMD	G1-G6; G2-G7; G3-G8	100%	100%	100%	100%	99%	0%
8	3	E1	RCV / EG_3HL	G1-G11; G2-G12; G3-G13	100%	100%	100%	100%	100%	0%
9	3	E1	RCV / EG_3MDL	G6-G11; G7-G12; G8-G13	100%	100%	100%	100%	100%	0%
10	1	E1	RSD / EG_1HMD	G1-G6	94.7%	100%	100%	95%	78%	0%
11	1	E1	RSD / EG_1HL	G1-G11	100%	100%	100%	100%	100%	0%
12	1	E1	RSD / EG_1MDL	G6-G11	94.0%	100%	100%	94%	77%	0%
13	2	E1	RSD / EG_2HMD	G1-G6; G2-G7	100%	100%	100%	100%	91%	0%
14	2	E1	RSD / EG_2HL	G1-G11; G2-G12	100%	100%	100%	100%	100%	0%
15	2	E1	RSD / EG_2MDL	G6-G11; G7-G12	100%	100%	100%	100%	90%	0%
16	3	E1	RSD / EG_3HMD	G1-G6; G2-G7; G3-G8	100%	100%	100%	100%	91%	0%
17	3	E1	RSD / EG_3HL	G1-G11; G2-G12; G3-G13	100%	100%	100%	100%	100%	0%
18	3	E1	RSD / EG_3MDL	G6-G11; G7-G12; G8-G13	100%	100%	100%	100%	91%	0%

Continua...

(continuação da Tabela 1A)

Case	Exchanges				GEI					
	# total	Env group	Scenario	Introduced	usual ANOVA	ER	AMMI	BLUP GenCEnvC	BLUP GenCEnvNC	BLUP GenNC
19	1	E1	SySD / EG_1HMD	G5-G6	100%	100%	100%	100%	100%	0%
20	1	E1	SySD / EG_1HL	G5-G11	100%	100%	100%	100%	100%	0%
21	1	E1	SySD / EG_1MDL	G9-G11	100%	100%	100%	100%	100%	0%
22	2	E1	SySD / EG_2HMD	G5-G6; G4-G7	100%	100%	100%	100%	100%	0%
23	2	E1	SySD / EG_2HL	G5-G11; G4-G12	100%	100%	100%	100%	100%	0%
24	2	E1	SySD / EG_2MDL	G9-G11; G8-G12	100%	100%	100%	100%	100%	0%
25	3	E1	SySD / EG_3HMD	G5-G6; G4-G7; G3-G8	100%	100%	100%	100%	98%	0%
26	3	E1	SySD / EG_3HL	G5-G11; G4-G12; G3-G13	100%	100%	100%	100%	100%	0%
27	3	E1	SySD / EG_3MDL	G9-G11; G8-G12; G10-G13	100%	100%	100%	100%	100%	0%
28	2	E2	RCV / EG_2HMD	G1-G6; G2-G7	100%	100%	100%	99%	100%	0%
29	2	E2	RCV / EG_2HL	G1-G11; G2-G12	100%	100%	100%	100%	100%	0%
30	2	E2	RCV / EG_2MDL	G6-G11; G7-G12	100%	100%	100%	100%	100%	0%
31	3	E2	RCV / EG_3HMD	G1-G6; G2-G7; G3-G8	100%	100%	100%	69%	77%	0%
32	3	E2	RCV / EG_3HL	G1-G11; G2-G12; G3-G13	100%	100%	100%	100%	100%	0%
33	3	E2	RCV / EG_3MDL	G6-G11; G7-G12; G8-G13	100%	100%	100%	69%	77%	0%
34	2	E2	RSD / EG_2HMD	G1-G6; G2-G7	100%	100%	100%	91%	96%	0%
35	2	E2	RSD / EG_2HL	G1-G11; G2-G12	100%	100%	100%	100%	100%	0%
36	2	E2	RSD / EG_2MDL	G6-G11; G7-G12	100%	100%	100%	90%	95%	0%

Continua...

(continuação da Tabela 1A)

Case	Exchanges				GEI					
	# total	Env group	Scenario	Introduced	usual ANOVA	ER	AMMI	BLUP GenCEnvC	BLUP GenCEnvNC	BLUP GenNC
37	3	E2	RSD / EG_3HMD	G1-G6; G2-G7; G3-G8	100%	100%	100%	62%	73%	0%
38	3	E2	RSD / EG_3HL	G1-G11; G2-G12; G3-G13	100%	100%	100%	98%	98%	0%
39	3	E2	RSD / EG_3MDL	G6-G11; G7-G12; G8-G13	100%	100%	100%	61%	72%	0%
40	2	E2	SySD / EG_2HMD	G5-G6; G4-G7	100%	100%	100%	100%	100%	0%
41	2	E2	SySD / EG_2HL	G5-G11; G4-G12	100%	100%	100%	100%	100%	0%
42	2	E2	SySD / EG_2MDL	G9-G11; G8-G12	100%	100%	100%	100%	100%	0%
43	3	E2	SySD / EG_3HMD	G5-G6; G4-G7; G3-G8	100%	100%	100%	67%	75%	0%
44	3	E2	SySD / EG_3HL	G5-G11; G4-G12; G3-G13	100%	100%	100%	100%	100%	0%
45	3	E2	SySD / EG_3MDL	G9-G11; G8-G12; G10-G13	100%	100%	100%	78%	84%	0%
46	2	E3	RCV / EG_2HMD	G1-G6; G2-G7	100%	100%	100%	95%	97%	0%
47	2	E3	RCV / EG_2HL	G1-G11; G2-G12	100%	100%	100%	100%	100%	0%
48	2	E3	RCV / EG_2MDL	G6-G11; G7-G12	100%	100%	100%	97%	98%	0%
49	3	E3	RCV / EG_3HMD	G1-G6; G2-G7; G3-G8	100%	100%	100%	94%	96%	0%
50	3	E3	RCV / EG_3HL	G1-G11; G2-G12; G3-G13	100%	100%	100%	100%	100%	0%
51	3	E3	RCV / EG_3MDL	G6-G11; G7-G12; G8-G13	100%	100%	100%	97%	98%	0%
52	2	E3	RSD / EG_2HMD	G1-G6; G2-G7	100%	100%	100%	77%	85%	0%
53	2	E3	RSD / EG_2HL	G1-G11; G2-G12	100%	100%	100%	100%	100%	0%
54	2	E3	RSD / EG_2MDL	G6-G11; G7-G12	100%	100%	100%	78%	86%	0%

Continua...

(continuação da Tabela 1A)

Case	Exchanges				GEI					
	# total	Env group	Scenario	Introduced	usual ANOVA	ER	AMMI	BLUP GenCEnvC	BLUP GenCEnvNC	BLUP GenNC
55	3	E3	RSD / EG_3HMD	G1-G6; G2-G7; G3-G8	100%	100%	100%	80%	87%	0%
56	3	E3	RSD / EG_3HL	G1-G11; G2-G12; G3-G13	100%	100%	100%	100%	100%	0%
57	3	E3	RSD / EG_3MDL	G6-G11; G7-G12; G8-G13	100%	100%	100%	81%	87%	0%
58	2	E3	SySD / EG_2HMD	G5-G6; G4-G7	100%	100%	100%	100%	100%	0%
59	2	E3	SySD / EG_2HL	G5-G11; G4-G12	100%	100%	100%	100%	100%	0%
60	2	E3	SySD / EG_2MDL	G9-G11; G8-G12	100%	100%	100%	99%	99%	0%
61	3	E3	SySD / EG_3HMD	G5-G6; G4-G7; G3-G8	100%	100%	100%	98%	99%	0%
62	3	E3	SySD / EG_3HL	G5-G11; G4-G12; G3-G13	100%	100%	100%	100%	100%	0%
63	3	E3	SySD / EG_3MDL	G9-G11; G8-G12; G10-G13	100%	100%	100%	96%	97%	0%

Tabela 2A. Valores médios de \hat{b}_i , porcentagem de significância estatística de $\hat{b}_i = 1$ e porcentagem de significância estatística dos valores dos desvios ($\hat{a}_{ij} = 0$) para cada genótipo em cada caso simulado.

Gen	estatística	caso1	caso2	caso3	caso4	caso5	caso6	caso7	caso8	caso9
G1	b.estimate	1,88	2,77	1,00	1,56	2,77	1,00	1,88	2,13	1,00
G1	b.pvalue.perc	100%	97%	100%	100%	97%	100%	100%	97%	100%
G1	dr.pvalue.perc	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G2	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,57	2,78	1,00	1,90	2,13	1,00
G2	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	96%	100%	100%	96%	100%
G2	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G3	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,88	2,12	1,00
G3	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	97%	100%
G3	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%
G4	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G4	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G4	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G5	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G5	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G5	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G6	b.estimate	0,12	1,00	1,57	0,44	1,00	1,89	0,12	1,00	1,57
G6	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G6	dr.pvalue.perc	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%
G7	b.estimate	1,00	1,00	1,00	0,43	1,00	1,88	0,10	1,00	1,56
G7	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G7	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	100%	0%	100%	100%	0%	100%
G8	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,12	1,00	1,57
G8	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G8	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	100%
G9	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G9	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G9	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G10	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G10	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G10	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G11	b.estimate	1,00	-0,77	0,43	1,00	-0,77	0,11	1,00	-0,13	0,43
G11	b.pvalue.perc	100%	97%	100%	100%	97%	100%	100%	97%	100%
G11	dr.pvalue.perc	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G12	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	-0,78	0,12	1,00	-0,13	0,44
G12	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	97%	100%	100%	97%	100%
G12	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G13	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	-0,12	0,43
G13	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	97%	100%
G13	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%
G14	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G14	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G14	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G15	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G15	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G15	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%

b.estimate: valor médio de \hat{b}_i ;

b.pvalue.perc: porcentagem de significância estatística de ($\hat{b}_i = 1$);

dr.pvalue.perc porcentagem de significância estatística dos valores dos desvios ($\hat{a}_{ij} = 0$).

Continua...

(continuação da Tabela 2A)

Gen	estatística	caso10	caso11	caso12	caso13	caso14	caso15	caso16	caso17	caso18
G1	b.estimate	1,56	2,14	1,00	1,56	2,14	1,00	1,56	2,14	1,00
G1	b.pvalue.perc	100%	95%	100%	100%	95%	100%	100%	95%	100%
G1	dr.pvalue.perc	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G2	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,58	2,13	1,00	1,58	2,13	1,00
G2	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	95%	100%	100%	95%	100%
G2	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G3	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,57	2,13	1,00
G3	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	95%	100%
G3	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%
G4	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G4	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G4	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G5	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G5	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G5	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G6	b.estimate	0,44	1,00	1,57	0,44	1,00	1,57	0,44	1,00	1,57
G6	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G6	dr.pvalue.perc	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%
G7	b.estimate	1,00	1,00	1,00	0,42	1,00	1,55	0,42	1,00	1,55
G7	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G7	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	100%	0%	100%	100%	0%	100%
G8	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,43	1,00	1,56
G8	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G8	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	100%
G9	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G9	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G9	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G10	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G10	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G10	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G11	b.estimate	1,00	-0,14	0,43	1,00	-0,14	0,43	1,00	-0,14	0,43
G11	b.pvalue.perc	100%	96%	100%	100%	96%	100%	100%	96%	100%
G11	dr.pvalue.perc	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G12	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	-0,13	0,45	1,00	-0,13	0,45
G12	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	96%	100%	100%	96%	100%
G12	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G13	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	-0,13	0,44
G13	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	96%	100%
G13	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%
G14	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G14	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G14	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G15	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G15	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G15	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%

b.estimate: valor médio de \hat{b}_i ;b.pvalue.perc: porcentagem de significância estatística de ($\hat{b}_i = 1$);dr.pvalue.perc porcentagem de significância estatística dos valores dos desvios ($\hat{d}_{ij} = 0$).

Continua...

(continuação da Tabela 2A)

Gen	estatística	caso19	caso20	caso21	caso22	caso23	caso24	caso25	caso26	caso27
G1	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G1	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G1	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G2	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G2	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G2	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G3	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	2,10	3,19	1,00
G3	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	91%	100%
G3	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%
G4	b.estimate	1,00	1,00	1,00	2,54	3,66	1,00	2,54	3,66	1,00
G4	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	97%	88%	100%	97%	88%	100%
G4	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G5	b.estimate	2,27	2,97	1,00	3,01	4,11	1,00	3,01	4,11	1,00
G5	b.pvalue.perc	93%	85%	100%	93%	85%	100%	93%	85%	100%
G5	dr.pvalue.perc	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G6	b.estimate	-0,27	1,00	1,00	-1,01	1,00	1,00	-1,01	1,00	1,00
G6	b.pvalue.perc	94%	100%	100%	94%	100%	100%	94%	100%	100%
G6	dr.pvalue.perc	100%	0%	0%	100%	0%	0%	100%	0%	0%
G7	b.estimate	1,00	1,00	1,00	-0,54	1,00	1,00	-0,54	1,00	1,00
G7	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	97%	100%	100%	97%	100%	100%
G7	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	100%	0%	0%	100%	0%	0%
G8	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	2,33	-0,10	1,00	2,33
G8	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	99%	99%	100%	99%
G8	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%
G9	b.estimate	1,00	1,00	2,75	1,00	1,00	2,75	1,00	1,00	2,75
G9	b.pvalue.perc	100%	100%	95%	100%	100%	95%	100%	100%	95%
G9	dr.pvalue.perc	0%	0%	100%	0%	0%	100%	0%	0%	100%
G10	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	2,54
G10	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	97%
G10	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%
G11	b.estimate	1,00	-0,97	-0,75	1,00	-2,11	-0,75	1,00	-2,11	-0,75
G11	b.pvalue.perc	100%	88%	95%	100%	88%	95%	100%	88%	95%
G11	dr.pvalue.perc	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G12	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	-1,66	-0,33	1,00	-1,66	-0,33
G12	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	91%	99%	100%	91%	99%
G12	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G13	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	-1,19	-0,54
G13	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	93%	97%
G13	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%
G14	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G14	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G14	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G15	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G15	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G15	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%

b.estimate: valor médio de \hat{b}_i ;b.pvalue.perc: porcentagem de significância estatística de ($\hat{b}_i = 1$);dr.pvalue.perc porcentagem de significância estatística dos valores dos desvios ($\hat{d}_{ij} = 0$).

Continua...

(continuação da Tabela 2A)

Gen	estatística	caso28	caso29	caso30	caso31	caso32	caso33	caso34	caso35	caso36
G1	b.estimate	1,07	1,14	1,00	1,07	1,14	1,00	1,07	1,14	1,00
G1	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G1	dr.pvalue.perc	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G2	b.estimate	0,03	-0,92	1,00	0,03	-0,92	1,00	0,03	-0,92	1,00
G2	b.pvalue.perc	60%	100%	100%	60%	100%	100%	48%	100%	100%
G2	dr.pvalue.perc	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G3	b.estimate	1,00	1,00	1,00	-2,10	-5,25	1,00	1,00	1,00	1,00
G3	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	98%	100%	100%	100%	100%
G3	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%
G4	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G4	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G4	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G5	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G5	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G5	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G6	b.estimate	0,93	1,00	1,07	0,93	1,00	1,07	0,93	1,00	1,07
G6	b.pvalue.perc	59%	100%	100%	59%	100%	100%	49%	100%	100%
G6	dr.pvalue.perc	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%
G7	b.estimate	1,97	1,00	0,05	1,97	1,00	0,05	1,97	1,00	0,04
G7	b.pvalue.perc	100%	100%	56%	100%	100%	56%	100%	100%	47%
G7	dr.pvalue.perc	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%
G8	b.estimate	1,00	1,00	1,00	4,10	1,00	-2,15	1,00	1,00	1,00
G8	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G8	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	100%	0%	100%	0%	0%	0%
G9	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G9	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G9	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G10	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G10	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G10	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G11	b.estimate	1,00	0,86	0,93	1,00	0,86	0,93	1,00	0,86	0,93
G11	b.pvalue.perc	100%	100%	57%	100%	100%	57%	100%	100%	50%
G11	dr.pvalue.perc	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G12	b.estimate	1,00	2,92	1,95	1,00	2,92	1,95	1,00	2,92	1,96
G12	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G12	dr.pvalue.perc	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G13	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	7,25	4,15	1,00	1,00	1,00
G13	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	99%	100%	100%	100%	100%
G13	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	0%	0%
G14	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G14	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G14	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G15	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G15	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G15	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%

b.estimate: valor médio de \hat{b}_i ;b.pvalue.perc: porcentagem de significância estatística de ($\hat{b}_i = 1$);dr.pvalue.perc porcentagem de significância estatística dos valores dos desvios ($\hat{d}_{ij} = 0$).

Continua...

(continuação da Tabela 2A)

Gen	estatística	caso37	caso38	caso39	caso40	caso41	caso42	caso43	caso44	caso45
G1	b.estimate	1,07	1,14	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G1	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G1	dr.pvalue.perc	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G2	b.estimate	0,03	-0,92	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G2	b.pvalue.perc	48%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G2	dr.pvalue.perc	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G3	b.estimate	-2,19	-5,22	1,00	1,00	1,00	1,00	-2,86	-6,72	1,00
G3	b.pvalue.perc	100%	98%	100%	100%	100%	100%	100%	94%	100%
G3	dr.pvalue.perc	100%	100%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%
G4	b.estimate	1,00	1,00	1,00	-0,66	-1,86	1,00	-0,66	-1,86	1,00
G4	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	99%	100%	100%	99%	100%	100%
G4	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G5	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,16	1,24	1,00	1,16	1,24	1,00
G5	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G5	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G6	b.estimate	0,93	1,00	1,07	0,84	1,00	1,00	0,84	1,00	1,00
G6	b.pvalue.perc	49%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G6	dr.pvalue.perc	100%	0%	100%	100%	0%	0%	100%	0%	0%
G7	b.estimate	1,97	1,00	0,04	2,66	1,00	1,00	2,66	1,00	1,00
G7	b.pvalue.perc	100%	100%	47%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G7	dr.pvalue.perc	100%	0%	100%	100%	0%	0%	100%	0%	0%
G8	b.estimate	4,19	1,00	-2,03	1,00	1,00	-0,44	4,86	1,00	-0,75
G8	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	96%	100%	100%	96%
G8	dr.pvalue.perc	100%	0%	100%	0%	0%	100%	100%	0%	100%
G9	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,13	1,00	1,00	2,19
G9	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G9	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	0%	100%
G10	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	-2,93
G10	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	99%
G10	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%
G11	b.estimate	1,00	0,86	0,93	1,00	0,76	0,87	1,00	0,76	-0,19
G11	b.pvalue.perc	100%	100%	50%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G11	dr.pvalue.perc	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G12	b.estimate	1,00	2,92	1,96	1,00	3,86	2,44	1,00	3,86	2,75
G12	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G12	dr.pvalue.perc	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G13	b.estimate	1,00	7,22	4,03	1,00	1,00	1,00	1,00	8,72	4,93
G13	b.pvalue.perc	100%	97%	100%	100%	100%	100%	100%	95%	98%
G13	dr.pvalue.perc	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	100%	100%
G14	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G14	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G14	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G15	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G15	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G15	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%

b.estimate: valor médio de \hat{b}_i ;b.pvalue.perc: porcentagem de significância estatística de ($\hat{b}_i = 1$);dr.pvalue.perc porcentagem de significância estatística dos valores dos desvios ($\hat{d}_{ij} = 0$).

Continua...

(continuação da Tabela 2A)

Gen	estatística	caso46	caso47	caso48	caso49	caso50	caso51	caso52	caso53	caso54
G1	b.estimate	-0,38	-1,76	1,00	-0,97	-2,95	1,00	-0,89	-2,82	1,00
G1	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	99%	100%
G1	dr.pvalue.perc	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G2	b.estimate	1,87	2,64	1,00	2,28	3,45	1,00	2,29	3,45	1,00
G2	b.pvalue.perc	99%	83%	100%	99%	83%	100%	98%	77%	100%
G2	dr.pvalue.perc	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G3	b.estimate	1,00	1,00	1,00	-1,79	-4,63	1,00	1,00	1,00	1,00
G3	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	98%	100%	100%	100%	100%
G3	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%
G4	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G4	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G4	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G5	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G5	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G5	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G6	b.estimate	2,38	1,00	-0,98	2,97	1,00	-0,98	2,89	1,00	-0,93
G6	b.pvalue.perc	99%	100%	100%	99%	100%	100%	98%	100%	100%
G6	dr.pvalue.perc	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%
G7	b.estimate	0,13	1,00	2,17	-0,28	1,00	2,17	-0,29	1,00	2,16
G7	b.pvalue.perc	100%	100%	99%	100%	100%	99%	100%	100%	98%
G7	dr.pvalue.perc	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%
G8	b.estimate	1,00	1,00	1,00	3,79	1,00	-1,84	1,00	1,00	1,00
G8	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G8	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	100%	0%	100%	0%	0%	0%
G9	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G9	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G9	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G10	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G10	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G10	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G11	b.estimate	1,00	3,76	2,98	1,00	4,95	2,98	1,00	4,82	2,93
G11	b.pvalue.perc	100%	87%	99%	100%	87%	99%	100%	84%	99%
G11	dr.pvalue.perc	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G12	b.estimate	1,00	-0,64	-0,17	1,00	-1,45	-0,17	1,00	-1,45	-0,16
G12	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G12	dr.pvalue.perc	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G13	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	6,63	3,84	1,00	1,00	1,00
G13	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	93%	100%	100%	100%	100%
G13	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	0%	0%
G14	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G14	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G14	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G15	b.estimate	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
G15	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G15	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%

b.estimate: valor médio de \hat{b}_i ;b.pvalue.perc: porcentagem de significância estatística de ($\hat{b}_i = 1$);dr.pvalue.perc porcentagem de significância estatística dos valores dos desvios ($\hat{d}_{ij} = 0$).

Continua...

(continuação da Tabela 2A)

Gen	estatística	caso55	caso56	caso57	caso58	caso59	caso60	caso61	caso62	caso63
G1	b.estimate	-0.89	-2.82	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
G1	b.pvalue.perc	100%	99%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G1	dr.pvalue.perc	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G2	b.estimate	2.29	3.45	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
G2	b.pvalue.perc	98%	77%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G2	dr.pvalue.perc	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G3	b.estimate	-1.87	-4.59	1.00	1.00	1.00	1.00	-2.48	-5.95	1.00
G3	b.pvalue.perc	100%	97%	100%	100%	100%	100%	100%	95%	100%
G3	dr.pvalue.perc	100%	100%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%
G4	b.estimate	1.00	1.00	1.00	3.05	4.55	1.00	3.05	4.55	1.00
G4	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	83%	70%	100%	83%	70%	100%
G4	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G5	b.estimate	1.00	1.00	1.00	-3.27	-5.67	1.00	-3.27	-5.67	1.00
G5	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	99%	96%	100%	99%	96%	100%
G5	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G6	b.estimate	2.89	1.00	-0.93	5.27	1.00	1.00	5.27	1.00	1.00
G6	b.pvalue.perc	98%	100%	100%	82%	100%	100%	82%	100%	100%
G6	dr.pvalue.perc	100%	0%	100%	100%	0%	0%	100%	0%	0%
G7	b.estimate	-0.29	1.00	2.16	-1.05	1.00	1.00	-1.05	1.00	1.00
G7	b.pvalue.perc	100%	100%	98%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G7	dr.pvalue.perc	100%	0%	100%	100%	0%	0%	100%	0%	0%
G8	b.estimate	3.87	1.00	-1.72	1.00	1.00	2.80	4.48	1.00	2.80
G8	b.pvalue.perc	99%	100%	100%	100%	100%	90%	98%	100%	90%
G8	dr.pvalue.perc	100%	0%	100%	0%	0%	100%	100%	0%	100%
G9	b.estimate	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	-2.81	1.00	1.00	-2.81
G9	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	99%	100%	100%	99%
G9	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	0%	100%
G10	b.estimate	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	-3.84
G10	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	98%
G10	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%
G11	b.estimate	1.00	4.82	2.93	1.00	7.67	4.81	1.00	7.67	4.81
G11	b.pvalue.perc	100%	84%	99%	100%	77%	84%	100%	77%	84%
G11	dr.pvalue.perc	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G12	b.estimate	1.00	-1.45	-0.16	1.00	-2.55	-0.80	1.00	-2.55	-0.80
G12	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G12	dr.pvalue.perc	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G13	b.estimate	1.00	6.59	3.72	1.00	1.00	1.00	1.00	7.95	5.84
G13	b.pvalue.perc	100%	91%	99%	100%	100%	100%	100%	87%	93%
G13	dr.pvalue.perc	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	100%	100%
G14	b.estimate	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
G14	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G14	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G15	b.estimate	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
G15	b.pvalue.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G15	dr.pvalue.perc	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%

b.estimate: valor médio de \hat{b}_i ;b.pvalue.perc: porcentagem de significância estatística de ($\hat{b}_i = 1$);dr.pvalue.perc porcentagem de significância estatística dos valores dos desvios ($\hat{d}_{ij} = 0$).

Tabela 3A. Porcentagem da significância estatística para cada efeito (genótipo ou ambiente) baseados na região crítica, número de componentes principais significativos no modelo AMMI e porcentagem da significância estatística para o número de componentes principais significativos no modelo AMMI em cada caso simulado.

efeito	caso1	caso2	caso3	caso4	caso5	caso6	caso7	caso8	caso9	caso10	caso11	caso12	caso13	caso14	caso15	caso16	caso17	caso18
G1	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G2	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G3	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%
G4	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G5	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G6	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%
G7	0%	0%	0%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	0%	0%	0%	100%	0%	100%	100%	0%	100%
G8	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	100%
G9	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G10	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G11	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G12	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G13	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%
G14	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G15	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Env1	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env2	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env3	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env4	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env5	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env6	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env7	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env8	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env9	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env10	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env11	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env12	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
nPCs	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
nPCS_%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%

nPCs: número de componentes principais significativos no modelo AMMI pelo procedimento de Gollob;

nPCS %: porcentagem da significância estatística para o número de componentes principais significativos no modelo AMMI pelo procedimento de Gollob.

Continua...

(continuação da Tabela 3A)

efeito	caso19	caso20	caso21	caso22	caso23	caso24	caso25	caso26	caso27	caso28	caso29	caso30	caso31	caso32	caso33	caso34	caso35	caso36
G1	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G2	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G3	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%
G4	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G5	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G6	100%	0%	0%	100%	0%	0%	100%	0%	0%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%
G7	0%	0%	0%	100%	0%	0%	100%	0%	0%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%
G8	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	0%	0%	0%	100%	0%	100%	0%	0%	0%
G9	0%	0%	100%	0%	0%	100%	0%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G10	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G11	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G12	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G13	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	0%	0%
G14	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G15	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Env1	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env2	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env3	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env4	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env5	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env6	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env7	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env8	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env9	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env10	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env11	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env12	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
nPCs	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	3	3	3	2	2	2
nPCS %	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%

nPCs: número de componentes principais significativos no modelo AMMI pelo procedimento de Gollob;

nPCS %: porcentagem da significância estatística para o número de componentes principais significativos no modelo AMMI pelo procedimento de Gollob.

Continua...

(continuação da Tabela 3A)

efeito	caso37	caso38	caso39	caso40	caso41	caso42	caso43	caso44	caso45	caso46	caso47	caso48	caso49	caso50	caso51	caso52	caso53	caso54
G1	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G2	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G3	100%	100%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%
G4	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G5	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G6	100%	0%	100%	100%	0%	0%	100%	0%	0%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%
G7	100%	0%	100%	100%	0%	0%	100%	0%	0%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%
G8	100%	0%	100%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	0%	0%	0%	100%	0%	100%	0%	0%	0%
G9	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G10	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G11	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G12	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G13	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%	0%	0%
G14	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G15	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Env1	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env2	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env3	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env4	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env5	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env6	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env7	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env8	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env9	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env10	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env11	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env12	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
nPCs	3	3	3	2	2	2	3	3	3	2	2	2	3	3	3	2	2	2
nPCS_%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%

nPCs: número de componentes principais significativos no modelo AMMI pelo procedimento de Gollob;

nPCS %: porcentagem da significância estatística para o número de componentes principais significativos no modelo AMMI pelo procedimento de Gollob.

Continua...

(continuação da Tabela 3A)

efeito	caso55	caso56	caso57	caso58	caso59	caso60	caso61	caso62	caso63
G1	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G2	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G3	100%	100%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	0%
G4	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G5	0%	0%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%
G6	100%	0%	100%	100%	0%	0%	100%	0%	0%
G7	100%	0%	100%	100%	0%	0%	100%	0%	0%
G8	100%	0%	100%	0%	0%	100%	100%	0%	100%
G9	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	0%	100%
G10	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%
G11	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G12	0%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%
G13	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	100%	100%
G14	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
G15	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
Env1	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env2	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env3	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env4	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env5	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env6	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env7	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env8	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env9	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env10	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env11	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
Env12	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
nPCs	3	3	3	2	2	2	3	3	3
nPCS_%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%

nPCs: número de componentes principais significativos no modelo AMMI pelo procedimento de Gollob;

nPCS %: porcentagem da significância estatística para o número de componentes principais significativos no modelo AMMI pelo procedimento de Gollob.

Tabela 4A. Efeito individual de genótipo (BLUP) e a porcentagem da significância estatística deste efeito em cada caso simulado.

Gen	estatística	caso1	caso2	caso3	caso4	caso5	caso6	caso7	caso8	caso9	caso10	caso11	caso12	caso13	caso14	caso15	caso16	caso17	caso18
G1	blup.estimate	26.65	13.16	39.99	26.53	12.75	39.8	26.39	12.03	39.59	26.75	13.24	40.12	26.63	12.84	39.93	26.49	12.13	39.73
G1	signif.sep.perc	100%	98%	100%	100%	86%	100%	100%	57%	100%	100%	98%	100%	100%	84%	100%	100%	55%	100%
G2	blup.estimate	39.97	39.36	39.98	26.56	12.73	39.79	26.42	12.01	39.58	39.85	39.24	39.85	26.41	12.59	39.66	26.27	11.89	39.46
G2	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	87%	100%	100%	55%	100%	100%	100%	100%	100%	83%	100%	100%	54%	100%
G3	blup.estimate	39.96	39.34	39.96	39.77	38.13	39.77	26.39	11.99	39.57	40.07	39.46	40.07	39.88	38.25	39.88	26.44	12.15	39.68
G3	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	55%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	54%	100%
G4	blup.estimate	39.48	38.87	39.48	39.29	37.67	39.3	39.09	35.56	39.09	39.88	39.27	39.88	39.69	38.07	39.69	39.49	35.99	39.49
G4	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G5	blup.estimate	39.88	39.27	39.89	39.7	38.06	39.7	39.49	35.92	39.49	39.86	39.25	39.86	39.67	38.05	39.67	39.46	35.96	39.47
G5	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G6	blup.estimate	13.32	-0.01	-13.29	13.26	-0.01	-13.23	13.19	0	-13.16	13.39	0.02	-13.28	13.33	0.02	-13.22	13.26	0.02	-13.15
G6	signif.sep.perc	100%	3%	100%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	10%	99%	99%	3%	99%	99%	1%	98%
G7	blup.estimate	0.13	0.13	0.13	13.35	0.12	-13.15	13.28	0.12	-13.08	-0.08	-0.08	-0.08	13.17	-0.08	-13.36	13.1	-0.07	-13.29
G7	signif.sep.perc	31%	4%	29%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	41%	11%	43%	99%	2%	100%	98%	1%	99%
G8	blup.estimate	0.05	0.04	0.05	0.04	0.04	0.04	13.22	0.04	-13.15	-0.03	-0.03	-0.03	-0.03	-0.03	-0.03	13.2	-0.03	-13.13
G8	signif.sep.perc	30%	3%	30%	13%	0%	14%	100%	0%	100%	43%	11%	44%	27%	2%	27%	98%	1%	98%
G9	blup.estimate	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.07	0.07	0.07	0.07	0.07	0.07	0.07	0.07	0.07
G9	signif.sep.perc	29%	4%	28%	14%	0%	14%	6%	0%	7%	43%	11%	44%	28%	2%	27%	16%	1%	17%
G10	blup.estimate	-0.21	-0.21	-0.21	-0.21	-0.2	-0.21	-0.21	-0.19	-0.21	0.04	0.04	0.04	0.04	0.04	0.04	0.04	0.04	0.04
G10	signif.sep.perc	31%	3%	31%	14%	1%	14%	6%	0%	6%	44%	11%	45%	26%	2%	27%	16%	0%	17%
G11	blup.estimate	-39.86	-13.04	-26.58	-39.67	-12.64	-26.45	-39.46	-11.92	-26.31	-39.88	-13.01	-26.58	-39.7	-12.61	-26.46	-39.49	-11.91	-26.32
G11	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	91%	100%	100%	56%	100%	100%	97%	100%	100%	80%	100%	100%	53%	100%
G12	blup.estimate	-39.88	-39.26	-39.88	-39.69	-12.65	-26.42	-39.48	-11.94	-26.28	-40.11	-39.5	-40.12	-39.92	-12.84	-26.64	-39.71	-12.13	-26.5
G12	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	91%	100%	100%	58%	100%	100%	100%	100%	100%	85%	100%	100%	55%	100%
G13	blup.estimate	-39.93	-39.32	-39.93	-39.74	-38.1	-39.74	-39.53	-11.98	-26.34	-39.72	-39.11	-39.72	-39.53	-37.91	-39.53	-39.32	-11.82	-26.23
G13	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	56%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	51%	100%
G14	blup.estimate	-39.79	-39.18	-39.8	-39.61	-37.97	-39.61	-39.4	-35.83	-39.4	-40.03	-39.42	-40.03	-39.84	-38.21	-39.84	-39.63	-36.12	-39.64
G14	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G15	blup.estimate	-39.77	-39.16	-39.78	-39.59	-37.95	-39.59	-39.38	-35.81	-39.38	-40.06	-39.45	-40.06	-39.87	-38.24	-39.87	-39.66	-36.15	-39.67
G15	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%

blup.estimate = efeito genotípico (BLUP)

signif.sep.perc = porcentagem de significância estatística dos efeitos genotípicos (BLUP) segundo o teste t.

Continua...

(continuação da Tabela 4A)

Gen	estatística	caso19	caso20	caso21	caso22	caso23	caso24	caso25	caso26	caso27	caso28	caso29	caso30	caso31	caso32	caso33	caso34	caso35	caso36
G1	blup.estimate	29.61	28.79	29.71	29.31	26.85	29.5	29.13	23.83	29.17	26.53	12.75	39.8	26.44	12.36	39.67	26.63	12.84	39.93
G1	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	97%	100%	100%	86%	100%	100%	71%	100%	100%	84%	100%
G2	blup.estimate	39.39	38.29	39.51	38.98	35.71	39.24	38.74	31.69	38.8	26.56	12.73	39.79	26.48	12.34	39.66	26.41	12.59	39.66
G2	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	87%	100%	100%	69%	100%	100%	83%	100%
G3	blup.estimate	49.08	47.72	49.24	48.58	44.49	48.9	32.19	13.11	48.35	39.77	38.13	39.77	33.04	24.63	39.65	39.88	38.25	39.88
G3	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	9%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G4	blup.estimate	59.12	57.48	59.31	35.79	17.77	58.89	35.57	15.75	58.24	39.29	37.67	39.3	39.17	36.52	39.17	39.69	38.07	39.69
G4	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	79%	100%	100%	38%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G5	blup.estimate	39.66	22.58	69.54	39.25	21.04	69.05	39.01	18.66	68.28	39.7	38.06	39.7	39.57	36.89	39.57	39.67	38.05	39.67
G5	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	99%	100%	100%	79%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G6	blup.estimate	10.02	-19.09	-19.7	9.91	-17.8	-19.56	9.85	-15.8	-19.34	13.26	-0.01	-13.23	13.22	-0.01	-13.19	13.33	0.02	-13.22
G6	signif.sep.perc	73%	95%	100%	50%	73%	99%	37%	41%	98%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	99%	3%	99%
G7	blup.estimate	-9.75	-9.48	-9.78	13.07	-8.84	-9.71	12.99	-7.84	-9.6	13.35	0.12	-13.15	13.3	0.12	-13.11	13.17	-0.08	-13.36
G7	signif.sep.perc	67%	27%	73%	82%	5%	60%	75%	1%	41%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	99%	2%	100%
G8	blup.estimate	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	-19.71	16.11	0.02	-19.49	0.04	0.04	0.04	6.65	0.04	-6.57	-0.03	-0.03	-0.03
G8	signif.sep.perc	8%	0%	11%	3%	0%	100%	94%	0%	99%	13%	0%	14%	62%	0%	62%	27%	2%	27%
G9	blup.estimate	9.71	9.44	-16.56	9.61	8.81	-16.44	9.56	7.82	-16.26	0	0	0	0	0	0	0.07	0.07	0.07
G9	signif.sep.perc	65%	29%	100%	48%	6%	99%	41%	1%	95%	14%	0%	14%	9%	0%	10%	28%	2%	27%
G10	blup.estimate	19.62	19.08	19.69	19.42	17.79	19.55	19.3	15.79	-3.27	-0.21	-0.2	-0.21	-0.21	-0.19	-0.21	0.04	0.04	0.04
G10	signif.sep.perc	99%	94%	100%	98%	71%	99%	97%	42%	2%	14%	1%	14%	8%	0%	8%	26%	2%	27%
G11	blup.estimate	-68.93	-22.21	-42.85	-68.22	-20.7	-42.55	-67.8	-18.36	-42.08	-39.67	-12.64	-26.45	-39.54	-12.25	-26.37	-39.7	-12.61	-26.46
G11	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	97%	100%	100%	76%	100%	100%	91%	100%	100%	72%	100%	100%	80%	100%
G12	blup.estimate	-59.38	-57.74	-59.58	-58.77	-18.02	-39.43	-58.41	-15.97	-38.99	-39.69	-12.65	-26.42	-39.56	-12.26	-26.33	-39.92	-12.84	-26.64
G12	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	82%	100%	100%	41%	100%	100%	91%	100%	100%	73%	100%	100%	85%	100%
G13	blup.estimate	-49.2	-47.84	-49.36	-48.69	-44.6	-49.02	-48.4	-13.21	-25.87	-39.74	-38.1	-39.74	-39.61	-24.61	-33.01	-39.53	-37.91	-39.53
G13	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	10%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G14	blup.estimate	-39.33	-38.24	-39.46	-38.93	-35.66	-39.19	-38.69	-31.65	-38.75	-39.61	-37.97	-39.61	-39.48	-36.8	-39.48	-39.84	-38.21	-39.84
G14	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G15	blup.estimate	-29.63	-28.81	-29.73	-29.33	-26.86	-29.52	-29.15	-23.84	-29.19	-39.59	-37.95	-39.59	-39.46	-36.78	-39.46	-39.87	-38.24	-39.87
G15	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	98%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%

blup.estimate = predição do efeito genotípico (BLUP)

signif.sep.perc = porcentagem de significância estatística dos efeitos genotípicos (BLUP) segundo o teste t.

Continua...

(continuação da Tabela 4A)

Gen	estatística	caso37	caso38	caso39	caso40	caso41	caso42	caso43	caso44	caso45	caso46	caso47	caso48	caso49	caso50	caso51	caso52	caso53	caso54
G1	blup.estimate	26.54	12.45	39.81	29.31	26.85	29.5	29.2	25.27	29.31	23.22	6.42	39.81	23.1	6.07	39.61	23.31	6.49	39.95
G1	signif.sep.perc	100%	66%	100%	100%	100%	100%	100%	99%	100%	100%	8%	100%	100%	1%	100%	100%	15%	100%
G2	blup.estimate	26.33	12.21	39.54	38.98	35.71	39.24	38.83	33.61	38.97	29.88	19.13	39.8	29.72	18.1	39.59	29.73	18.99	39.67
G2	signif.sep.perc	100%	67%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	98%	100%	100%	100%	100%
G3	blup.estimate	33.12	24.78	39.76	48.58	44.49	48.9	40.33	27.88	48.57	39.78	38.22	39.78	26.4	12.05	39.58	39.89	38.35	39.89
G3	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	59%	100%	100%	100%	100%
G4	blup.estimate	39.57	36.93	39.57	35.79	17.77	58.89	35.65	16.72	58.5	39.31	37.77	39.31	39.1	35.74	39.11	39.71	38.17	39.71
G4	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	79%	100%	100%	55%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G5	blup.estimate	39.54	36.91	39.55	39.25	21.04	69.05	39.1	19.8	68.59	39.71	38.15	39.71	39.5	36.1	39.51	39.68	38.14	39.68
G5	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	99%	100%	100%	91%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G6	blup.estimate	13.28	0.02	-13.18	9.91	-17.8	-19.56	9.88	-16.76	-19.43	16.58	-0.01	-16.54	16.5	-0.01	-16.46	16.66	0.02	-16.53
G6	signif.sep.perc	99%	1%	99%	50%	73%	99%	42%	54%	99%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	100%	3%	100%
G7	blup.estimate	13.13	-0.08	-13.32	13.07	-8.84	-9.71	13.02	-8.32	-9.65	10.05	0.12	-9.83	9.99	0.12	-9.78	9.86	-0.08	-10.05
G7	signif.sep.perc	99%	1%	99%	82%	5%	60%	79%	1%	48%	96%	0%	96%	93%	0%	92%	92%	2%	92%
G8	blup.estimate	6.6	-0.03	-6.6	0.02	0.02	-19.71	8.08	0.02	-19.58	0.04	0.04	0.04	13.22	0.04	-13.16	-0.03	-0.03	-0.03
G8	signif.sep.perc	61%	1%	59%	3%	0%	100%	27%	0%	99%	14%	0%	14%	100%	0%	100%	28%	2%	28%
G9	blup.estimate	0.07	0.07	0.07	9.61	8.81	-16.44	9.58	8.29	-16.33	0	0	0	0	0	0	0.07	0.07	0.07
G9	signif.sep.perc	20%	1%	21%	48%	6%	99%	44%	2%	97%	14%	1%	14%	7%	0%	7%	28%	2%	28%
G10	blup.estimate	0.04	0.04	0.04	19.42	17.79	19.55	19.35	16.75	8.07	-0.21	-0.2	-0.21	-0.21	-0.19	-0.21	0.04	0.04	0.04
G10	signif.sep.perc	19%	1%	20%	98%	71%	99%	97%	55%	30%	15%	1%	15%	7%	0%	6%	27%	2%	28%
G11	blup.estimate	-39.57	-12.23	-26.37	-68.22	-20.7	-42.55	-67.96	-19.48	-42.27	-39.68	-6.31	-23.15	-39.48	-5.97	-23.03	-39.71	-6.26	-23.15
G11	signif.sep.perc	100%	63%	100%	100%	97%	100%	100%	88%	100%	100%	8%	100%	100%	1%	100%	100%	13%	100%
G12	blup.estimate	-39.8	-12.45	-26.56	-58.77	-18.02	-39.43	-58.55	-16.95	-39.17	-39.7	-19.05	-29.75	-39.5	-18.02	-29.59	-39.94	-19.25	-29.97
G12	signif.sep.perc	100%	68%	100%	100%	82%	100%	100%	59%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G13	blup.estimate	-39.4	-24.45	-32.84	-48.69	-44.6	-49.02	-48.51	-27.99	-37.33	-39.75	-38.19	-39.76	-39.55	-12.04	-26.35	-39.54	-38.01	-39.54
G13	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	59%	100%	100%	100%	100%
G14	blup.estimate	-39.71	-37.07	-39.72	-38.93	-35.66	-39.19	-38.78	-33.56	-38.92	-39.62	-38.06	-39.62	-39.41	-36.01	-39.42	-39.85	-38.31	-39.86
G14	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G15	blup.estimate	-39.75	-37.1	-39.75	-29.33	-26.86	-29.52	-29.22	-25.28	-29.32	-39.6	-38.04	-39.6	-39.39	-35.99	-39.4	-39.89	-38.34	-39.89
G15	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	99%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%

blup.estimate = predição do efeito genotípico (BLUP)

signif.sep.perc = porcentagem de significância estatística dos efeitos genotípicos (BLUP) segundo o teste t.

Continua...

(continuação da Tabela 4A)

Gen	estatística	caso55	caso56	caso57	caso58	caso59	caso60	caso61	caso62	caso63
G1	blup.estimate	23.19	6.15	39.74	29.31	26.93	29.5	29.13	24	29.17
G1	signif.sep.perc	100%	3%	100%	100%	100%	100%	100%	97%	100%
G2	blup.estimate	29.58	17.99	39.47	38.98	35.82	39.24	38.74	31.91	38.8
G2	signif.sep.perc	100%	99%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G3	blup.estimate	26.44	12.21	39.69	48.58	44.63	48.9	32.19	13.2	48.35
G3	signif.sep.perc	100%	57%	100%	100%	100%	100%	100%	10%	100%
G4	blup.estimate	39.5	36.16	39.5	41.47	26.8	58.89	41.21	23.86	58.24
G4	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G5	blup.estimate	39.47	36.14	39.48	31.92	10.64	69.05	31.72	9.47	68.28
G5	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	4%	100%	100%	0%	100%
G6	blup.estimate	16.57	0.02	-16.45	17.25	-17.86	-19.56	17.14	-15.91	-19.34
G6	signif.sep.perc	100%	1%	100%	99%	73%	99%	97%	42%	97%
G7	blup.estimate	9.81	-0.07	-9.99	7.39	-8.86	-9.71	7.35	-7.89	-9.6
G7	signif.sep.perc	86%	1%	86%	24%	5%	60%	15%	1%	41%
G8	blup.estimate	13.21	-0.03	-13.14	0.02	0.02	-14.78	16.11	0.01	-14.62
G8	signif.sep.perc	98%	1%	98%	3%	0%	96%	94%	0%	87%
G9	blup.estimate	0.07	0.07	0.07	9.61	8.84	-22.97	9.56	7.87	-22.71
G9	signif.sep.perc	17%	1%	18%	48%	6%	100%	41%	1%	100%
G10	blup.estimate	0.04	0.04	0.04	19.42	17.85	19.55	19.3	15.9	-3.27
G10	signif.sep.perc	16%	0%	18%	98%	72%	99%	97%	43%	2%
G11	blup.estimate	-39.5	-5.93	-23.04	-68.22	-10.3	-36.02	-67.8	-9.17	-35.62
G11	signif.sep.perc	100%	3%	100%	100%	3%	100%	100%	0%	100%
G12	blup.estimate	-39.73	-18.23	-29.82	-58.77	-27.05	-44.36	-58.41	-24.07	-43.87
G12	signif.sep.perc	100%	99%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G13	blup.estimate	-39.33	-11.88	-26.24	-48.7	-44.74	-49.01	-48.4	-13.3	-25.87
G13	signif.sep.perc	100%	53%	100%	100%	100%	100%	100%	10%	100%
G14	blup.estimate	-39.65	-36.3	-39.65	-38.93	-35.77	-39.18	-38.69	-31.87	-38.75
G14	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
G15	blup.estimate	-39.68	-36.32	-39.68	-29.33	-26.95	-29.52	-29.15	-24.01	-29.19
G15	signif.sep.perc	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	98%	100%

blup.estimate = predição do efeito genotípico (BLUP)

signif.sep.perc = porcentagem de significância estatística dos efeitos genotípicos (BLUP) segundo o teste t.

Tabela 5A. Efeito individual de genótipo (BLUP) e a porcentagem da significância estatística deste efeito para o genótipo 10 em todos os ambientes no caso 45.

Gen	Env	Efeito	Estatística	caso45
G10	Env1	G10:Env1	blup.estimate	-55.16
G10	Env1	G10:Env1	signif.sep.perc	100%
G10	Env2	G10:Env2	blup.estimate	11.26
G10	Env2	G10:Env2	signif.sep.perc	23%
G10	Env3	G10:Env3	blup.estimate	11.26
G10	Env3	G10:Env3	signif.sep.perc	23%
G10	Env4	G10:Env4	blup.estimate	11.26
G10	Env4	G10:Env4	signif.sep.perc	23%
G10	Env5	G10:Env5	blup.estimate	11.26
G10	Env5	G10:Env5	signif.sep.perc	23%
G10	Env6	G10:Env6	blup.estimate	11.26
G10	Env6	G10:Env6	signif.sep.perc	23%
G10	Env7	G10:Env7	blup.estimate	11.26
G10	Env7	G10:Env7	signif.sep.perc	23%
G10	Env8	G10:Env8	blup.estimate	11.26
G10	Env8	G10:Env8	signif.sep.perc	23%
G10	Env9	G10:Env9	blup.estimate	11.26
G10	Env9	G10:Env9	signif.sep.perc	23%
G10	Env10	G10:Env10	blup.estimate	11.26
G10	Env10	G10:Env10	signif.sep.perc	23%
G10	Env11	G10:Env11	blup.estimate	11.26
G10	Env11	G10:Env11	signif.sep.perc	23%
G10	Env12	G10:Env12	blup.estimate	-55.16
G10	Env12	G10:Env12	signif.sep.perc	100%

blup.estimate = predição do efeito genotípico (BLUP)

signif.sep.perc = porcentagem de significância estatística dos efeitos genotípicos (BLUP) segundo o teste t.