



CARLOS PEREIRA DA SILVA

**JUSTIFICATIVA BAYESIANA PARA EFEITO DE
ENCOLHIMENTO EM MODELOS AMMI**

LAVRAS - MG

2014



CARLOS PEREIRA DA SILVA

**JUSTIFICATIVA BAYESIANA PARA EFEITO DE ENCOLHIMENTO EM
MODELOS AMMI**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Estatística e Experimentação Agropecuária, área de concentração em Estatística e Experimentação Agropecuária, para a obtenção do título de Mestre.

Orientador
Dr. Marcio Balestre

**LAVRAS - MG
2014**

**Ficha Catalográfica Elaborada pela Coordenadoria de Produtos e Serviços
da Biblioteca Universitária da UFLA**

Silva, Carlos Pereira da.

Justificativa bayesiana para efeito de encolhimento em modelos
AMMI / Carlos Pereira da Silva. – Lavras: UFLA, 2014.

83 p. : il.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Lavras, 2014.

Orientador: Marcio Balestre.

Bibliografia.

1. Abordagem bayesiana. 2. Interação genótipo - ambiente.
3. Modelo parcimônia. 4. Shrinkage. I. Universidade Federal de
Lavras. II. Título.

CDD - 519.5

CARLOS PEREIRA DA SILVA

**JUSTIFICATIVA BAYESIANA PARA EFEITO DE ENCOLHIMENTO EM
MODELOS AMMI**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Estatística e Experimentação Agropecuária, área de concentração em Estatística e Experimentação Agropecuária, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADO em 22 de abril de 2014.

Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Dr. Júlio Sílvio de Sousa Bueno Filho

UFLA
UFLA

Dr. Marcio Balestre
Orientador

**LAVRAS - MG
2014**

À minha mãe pela força, carinho e dedicação, ao longo dos anos.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, razão da minha força para prosseguir até o fim, e pelas pessoas maravilhosas que fizeram ou fazem ainda parte na minha caminha da vida.

À minha mãe, Josefa Barbosa de Almeida, pela dedicação e incentivo para continuar nos estudos.

Ao meu irmão Ronaldo e Cunhada Lívia por incentivar a continuar seguindo em frente.

Aos colegas de mestrado em Estatística e Experimentação Agropecuária em especial, Fernando, Micherlania, Marcelo.

Em especial ao grande amigo Luciano e companheiro durante a batalha, e à minha namorada Andrezza pelo carinho, compreensão e ajuda.

Aos professores: Júlio Sílvio de Sousa Bueno Filho, Thelma Sáfydi e José Airton Rodrigues Nunes, pelas contribuições e pela disposição em ajudar.

Ao professor Dr. Marcio Balestre, pela orientação, confiança, incentivo e atenção durante todas as etapas deste projeto.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA) e ao Departamento de Ciências Exatas (DEX) pela oportunidade concedida para realização do mestrado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos.

Todas as pessoas podem ser grandes porque todas podem servir. Não é preciso ter um diploma universitário para servir. Não é preciso fazer concordar o sujeito e o verbo para servir. Basta um coração cheio de graça. Uma alma gerada pelo amor

(Martin Luther King)

RESUMO

Modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (*AMMI*) é frequentemente utilizado para estudar interação entre fatores, nas mais diversas áreas de pesquisa, particularmente no ensaio de cultivares. Uma das principais características desse modelo é a parcimônia, de forma que apenas alguns componentes bilineares são necessários para representar a interação genótipo ambiente (*GE*). Diversos procedimentos foram desenvolvidos para seleção de componentes, tais como testes *F* aproximados e métodos de validação cruzada. Na literatura podem ser encontrados também exemplos do uso de estimadores com efeito de encolhimento (*shrinkage*), aplicados no contexto de efeitos fixos, que oferecem estimativas mais acuradas dos parâmetros. Neste trabalho, utilizou-se a metodologia bayesiana aplicada ao modelo *AMMI*, tomando as variâncias dos valores singulares como variáveis aleatórias e incorporando à priori conjunta do modelo. Verificou-se que com o uso de priori informativa, os efeitos da interação foram mais importantes nos primeiros componentes bilineares e as estimativas para os valores singulares encolheram para zero, de forma que o modelo *AMMI1* se mostrou o mais adequado para a análise. Foram propostas, ainda, regiões de credibilidade para o biplot *AMMI1* com relação aos efeitos de genótipos e escores genotípicos referentes ao primeiro eixo principal. Com a construção das regiões de credibilidade foi possível identificar grupos de genótipos e ambientes homogêneos, possibilitando classificar os genótipos mais produtivos e estáveis e avaliá-los com relação à interação *GE*.

Palavras-chave: Interação genótipo ambiente. Seleção de componentes. Encolhimento.

ABSTRACT

The main additive effect model and multiplicative interaction (*AMMI*) is often used to study the interaction among factors in several areas of research, particularly in the test cultivars. A key feature of this model is parsimony, so that only some bilinear components are required to represent the genotype environment interaction (*GE*). Several procedures have been developed for selection of components, such as *F* approximated tests and cross-validation methods. In the literature, examples also can be found with the use of the shrinkage estimators applied in the context of fixed effects, which provide more accurate estimates of parameters. In this study, the Bayesian methodology was applied to the *AMMI* model taking the variances of the singular values as random variables and incorporating into the joint prior of the model. It was found that using a priori information, the interaction effects were more important on first bilinear components and the estimates for the singular values have shrunk to zero, so that the *AMMI1* model was the most appropriate for the analysis. Regions of credibility were proposals for the biplot *AMMI1* with respect to the genotypes effects and genotypic scores referring to the first principal axis. With the construction of the regions of credibility, it was possible to identify homogeneous groups of genotypes and environments, enabling classify the genotypes more productive and stable and evaluate them with respect to *GE* interaction.

Keywords: Genotype environment interaction. Selection of components. shrinkage.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Observações geradas pelo método MCMC (Gibbs) e densidade marginal a posteriori para as componentes de variância σ_g^2 e σ_g^2	47
Figura 2	Observações geradas pelo método MCMC (Gibbs) e densidade marginal a posteriori para as componentes de variância $\sigma_{\lambda_1}^2$ e $\sigma_{\lambda_2}^2$	48
Figura 3	Médias a posteriori e regiões HPD com 95% de credibilidade para efeito de genótipo.	49
Figura 4	Região de credibilidade 95% (IC) para BLUPs genotípicos e o primeiro escore genotípico, cujas regiões de credibilidade não incluem o zero.	50
Figura 5	Densidades marginais a posteriori e traços para α_{11} e α_{12}	52
Figura 6	Densidades marginais a posteriori e traços para γ_{11} e γ_{12}	53
Figura 7	Histogramas das densidades marginais a posteriori para $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3$ e λ_4	54
Figura 8	Histogramas das densidades marginais a posteriori para $\lambda_5, \lambda_6, \lambda_7$ e λ_8	54
Figura 9	Densidades marginais a posteriori dos dois primeiros escores genotípicos e ambientais.	58
Figura 10	Médias a posteriori e regiões de credibilidade 95% (IC) para o primeiro escore genotípico.	59
Figura 11	Médias a posteriori e regiões de credibilidade 95% (IC) para o primeiro escore ambiental.	60
Figura 12	Região de credibilidade bivariada (95%) entre os BLUPs genotípico e o primeiro escore genotípico, cujos efeitos diferem de zero.	61
Figura 13	Médias a posteriori e regiões de credibilidade 95% (IC) para o primeiro escore genotípico significativamente diferente de zero.	62
Figura 14	Gráfico ilustrativo do efeito da interação genótipo ambiente, com os genótipos $G_2, G_{19}, G_{35}, G_{40}$ e G_{47} em todos os ambientes.	82

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Estimativas médias a posteriori e regiões de credibilidade 95% (IC) para as componentes da variância do modelo. . . .	50
Tabela 2	Estimativas médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (IC 95%) para os valores singulares λ_k do modelo AMMI Bayesiano Shrinkage (AMMIBS).	55
Tabela 3	Estimativa da média para os modelos: AMMI Bayesiano (AMMIB), BLUPs, estimativas de mínimos quadrados (OLS) e estimativa <i>shrinkage</i>	55
Tabela 5	Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (IC) 95% para efeito de genotípico.	73
Tabela 6	Médias a posteriori, Médias corrigidas Liu (ML), desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (IC) 95% para o primeiro vetor singular genotípico.	74
Tabela 7	Médias a posteriori, Médias corrigidas Liu (ML), desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (IC) 95% para o segundo vetor singular genotípico.	76
Tabela 8	Médias a posteriori, Médias corrigidas Liu (ML), desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (IC) 95% para o primeiro vetor singular ambiental.	77
Tabela 9	Médias a posteriori, Médias corrigidas Liu (ML), desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (IC) 95% para o segundo vetor singular ambiental.	78
Tabela 10	Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (IC) 95% para efeito de genotípico.	78
Tabela 11	Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (IC) 95% para efeito de genotípico.	80
Tabela 12	Análise de variância conjunta do experimento com 55 genótipos avaliados em 9 ambientes com 3 blocos.	81
Tabela 13	Decomposição de soma de quadrados de interação pelo teste F de Gollob.	81
Tabela 14	Decomposição de soma de quadrados de interação pelo teste F_R . de Cornelius.	81

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	13
2	REFERENCIAL TEÓRICO	16
2.1	Interação genótipos por ambientes	16
2.2	Modelos lineares-bilineares	17
2.3	Modelo AMMI com efeitos fixos	18
2.4	Biplot	19
2.5	Seleção de componentes bilineares no modelo AMMI-fixo	20
2.5.1	Teste F_{Gollub}	20
2.5.2	Teste F_R Cornelius	21
2.5.3	Validação cruzada	22
2.5.4	<i>Leave-one-out</i>	22
2.6	Inferência bayesiana	24
2.6.1	Distribuições a priori e a posteriori	24
2.6.2	Estimação pontual e intervalar	25
2.6.3	Inferência via técnicas MCMC	26
2.7	Modelo AMMI bayesiano	27
2.8	Seleção de componentes bilineares no modelo AMMI-bayesiano	28
2.8.1	Critério de Informação Akaike (AIC)	28
2.8.2	Critério Informação Bayesiano (BIC)	28
2.8.3	Fator de Bayes (FB)	29
3	Estimador com efeito <i>Shrinkage</i>	29
3.1	Estimador <i>Shrinkage</i> para modelo AMMI de efeito fixo	32
4	MATERIAL E MÉTODOS	36
4.1	Material	36
4.2	Métodos	36
4.3	Distribuições a priori	37
4.4	Distribuição a posteriori	38
4.5	Distribuições condicionais a posteriori	39
4.6	Ajuste do modelo AMMI Bayesiano <i>Shrinkage</i> (AMMIBS)	42
4.7	Estimativas pontuais e intervalares	44
4.8	Regiões de credibilidade para escores da interação <i>GE</i>	44
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO	46
5.1	Amostras MCMC e convergência	46
5.2	Estimativas pontuais e intervalares para os parâmetros lineares	48

5.3	Estimativas pontuais e intervalares para os parâmetros bilineares	51
5.3.1	Incertezas sobre os escores genotípicos e ambientais	57
6	DISCUSSÃO	62
7	CONCLUSÃO	66
	REFERÊNCIAS	67
	APÊNDICES	72

1 INTRODUÇÃO

Em estudos agronômicos e programas de melhoramento de plantas busca-se a seleção e a recomendação dos melhores genótipos ou cultivares, baseadas não apenas na produtividade, mas também na adaptabilidade e na estabilidade destes com relação aos diversos ambientes de testes. Contudo, o trabalho de melhoristas e pesquisadores é frequentemente dificultado pela presença da interação entre genótipos e ambientes (*GE*), um fenômeno biológico que pode ser percebido pelas respostas diferentes que os genótipos apresentam frente à diversidade ambiental.

Muitos métodos de análise têm sido propostos em resposta aos desafios colocados pela interação *GE*. Segundo Fox, Crossa e Romagosa (1997), o estudo da interação possibilita a identificação de genótipos com adaptação ampla ou específica e a seleção de ambientes de testes, além de determinar o número ideal de ambientes e de genótipos a serem avaliados em cada fase da seleção. Esta visão é corroborada por Crossa (1990), ao enfatizar que a avaliação de qualquer genótipo ou tratamento agronômico sem incluir sua interação com o ambiente é incompleta e, portanto, limita a precisão das estimativas.

Dentre as diversas metodologias desenvolvidas para a avaliação da adaptabilidade e estabilidade, referente a dados provenientes de ensaios de genótipos em diferentes ambientes, pode ser destacado o modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI) (GOLLOB, 1968; MANDEL, 1971), que vem sendo intensamente difundido na literatura. Este modelo incorpora métodos univariados e multivariados permitindo separar o padrão, diretamente relacionado ao fenômeno em estudo, da falta de padrão que não possui interesse e pode ser descartado visando melhorar a capacidade preditiva do modelo (GAUCH, 1988).

Um dos principais aspectos discutidos na literatura, envolvendo a análise AMMI, é a determinação de quantos termos multiplicativos devem ser retidos no modelo para explicar a interação. Para responder a esta questão, foram desenvolvidos diferentes métodos. Para o caso de modelo de efeito fixo destacam-se os testes *F* aproximados, como o teste de Gollob (1968) e o teste *Fr* de Cornelius, Seyed-sadr e Crossa (1992). Além desses testes, podem ser citados, ainda, os métodos baseados em reamostragem por procedimentos computacionais intensivos, como o método preditivo por validação cruzada (CORNELIUS; CROSSA, 1999; DIAS; KRZANOWSKI, 2003; GAUCH, 1988). A seleção de modelos no contexto bayesiano tem sido realizada por meio dos critérios de informação AIC, BIC e ainda com fator de Bayes (CROSSA et al., 2011; LIU, 2001).

Uma proposta de ajuste do modelo AMMI, sem envolver testes de seleção para os termos multiplicativos ou procedimentos de validação cruzada, é apresentada por Cornelius e Crossa (1999) e Cornelius et al. (1996). Esta ideia envolve o uso de estimadores com efeito de encolhimento, “estimador *shrinkage*”, para

os valores singulares que compõem os parâmetros bilineares. Conceitualmente, encolhimento é uma característica presente em estimadores de parâmetros com efeito aleatório, contudo o efeito de encolhimento pode ser incorporado a estimadores de parâmetros com efeito fixo. Cornelius e Crossa (1999) relatam em estudo por simulação que, em geral, modelos ajustados utilizando estimadores de encolhimento são superiores aos modelos truncados para um determinado número n de termos multiplicativos, estimados a partir de testes estatísticos, e tão bons, em alguns casos melhores, que os BLUPs dos modelos com efeito aleatórios.

Conceitualmente, a principal diferença entre os estimadores em modelos com efeitos aleatórios e fixos está no efeito *shrinkage*, próprios de estimadores para efeitos aleatórios. Contudo, Stein (1956) mostrou que é possível obter melhores estimativas para efeitos fixos ao multiplicá-las por um fator de encolhimento, tomando como critério a minimização do erro quadrático médio. Para obter este efeito de encolhimento não são necessárias quaisquer suposições relativas a distribuições de probabilidade dos parâmetros, apenas abrir mão da propriedade de não viés. *Shrinkage* é considerado uma propriedade desejável de estimadores e com diversas aplicações, como no contexto da regressão, quando se verifica multicolinearidade entre os regressores (SUNDBERG, 2002), para simplificação de modelos superparametrizados (TIBSHIRANI, 1996) e também para obtenção de estimativas mais realistas sobre parâmetros de interesse que, no caso particular do melhoramento, garantem inferências mais precisas sobre os valores genotípicos de cultivares (CORNELIUS; CROSSA, 1999; RESENDE; DUARTE, 2007; SMITH; CULLIS; GILMOUR, 2001).

Uma opção ao modelo AMMI para efeitos fixos é o uso da inferência bayesiana. Viele e Srinivasan (2000) foram os primeiros a utilizar o modelo AMMI seguindo o método bayesiano e utilizando técnicas de amostragem baseadas em Monte Carlo via Cadeia de Markov (MCMC), mostraram como lidar com a amostragem dos parâmetros bilineares que descrevem a parte multiplicativa do modelo. Liu (2001) utilizou o mesmo conjunto de prioris proposto por Viele e Srinivasan (2000) para estudar questões como convergência e propriedades dos estimadores. Recentemente, Crossa et al. (2011) apresentaram uma abordagem vetorial para o modelo AMMI-bayesiano, ressaltando a capacidade deste para a incorporação de informações e, ainda, como um método natural para incorporar inferência aos parâmetros da interação *GE* a partir da representação biplot.

Embora o método proposto por Cornelius e Crossa (1999) produza efeito de encolhimento sobre os estimadores de quadrado mínimos em modelos lineares bilineares, este método não possui flexibilidade para tratar conjunto de dados desbalanceados ou heterocedástico. A inferência bayesiana, por outro lado, trata todos os parâmetros do modelo como variáveis aleatórias, produzindo estimativas

mais acuradas, consegue lidar com conjunto de dados faltantes e, ainda, heterogeneidade de variâncias. Além disso, efeito de encolhimento para os estimadores surge, naturalmente, no contexto bayesiano, quando se utilizam variâncias específicas para os valores singulares.

Esta dissertação tem por objetivo oferecer uma justificativa bayesiana para o estimador *shrinkage* proposto para os valores singulares que compõem os parâmetros da interação GE do modelo AMMI de efeito fixo e mostrar que, para obter um efeito *shrinkage* é necessário, apenas, assumir que a componente de variância do valor singular é um parâmetro desconhecido e, assim, estimá-lo; desse modo, esse efeito é incluído na priori conjunta do modelo.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

Nesta seção são apresentadas as principais características relacionadas ao modelo AMMI de efeitos fixos e ao modelo AMMI sob um contexto bayesiano, assim como os principais métodos de seleção de modelo para ambos os casos. Apresenta-se também uma justificativa bayesiana para o estimador shrinkage de efeito fixo.

2.1 Interação genótipos por ambientes

A interação entre genótipos e ambientes (*GE*) pode ser identificada por meio das respostas diferenciadas dos genótipos quando testados em diferentes ambientes. A avaliação de qualquer característica relacionada à produção vegetal está condicionada ao fator genético do organismo em questão e ao ambiente em que é cultivado, podendo sofrer variações de um ambiente para outro e, ou, ao longo de anos.

Warzecha et al. (2011) definem a interação *GE*, de forma estatística, como sendo a diferença entre o valor fenotípico e o valor esperado a partir de um modelo matemático de observações, que leva em conta a média geral, bem como efeitos principais genotípicos e ambientais.

Quando a inconsistência dos genótipos acarreta alterações em suas classificações frente aos diferentes locais onde estão sendo avaliados, ou seja, quando não existe uma única classificação dos genótipos em todos os ambientes de teste, referente à característica de interesse, a interação é dita ser complexa ou cruzada. Por outro lado, se ocorrerem apenas alterações sem implicar mudança no ranqueamento dos genótipos em função dos ambientes, a interação é denominada simples. A interação complexa ou cruzada é a que realmente dificulta o trabalho dos pesquisadores no contexto dos ensaios de cultivares.

A presença desta interação dificulta a seleção e recomendação de cultivares com ampla adaptação nas fases finais dos programas de melhoramento, quando os genótipos são testados em diferentes ambientes (locais, anos, etc). Por outro lado, nas fases iniciais das pesquisas, com avaliações geralmente realizadas em apenas poucas localidades, a interação *GE* pode inflacionar as estimativas de variância genética, o que compromete o sucesso das pesquisas (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

Muitos procedimentos foram desenvolvidos para o estudo da interação *GE*, sendo os métodos multivariados os mais recomendados, pois fornecem um resumo maior do conjunto de dados, além de permitir o descarte de ruídos e, ainda, possibilitam a identificação de padrões relacionados ao fenômeno em estudo (CROSSA, 1990). Dentre estes métodos, o modelo AMMI, que pertence à classe

dos modelos lineares-bilineares (CORNELIUS; SEYEDSADR, 1997), tem adquirido especial destaque por possibilitar o estudo da adaptabilidade e estabilidade em uma análise que combina métodos univariados e multivariados ao mesmo tempo, possibilitando a obtenção de estimativas mais precisas das respostas genotípicas e uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

2.2 Modelos lineares-bilineares

Gollob (1968) e Mandel (1971) introduziram um modelo para estudar a interação entre dois fatores a partir de um conjunto de dados organizados em uma tabela de dupla entrada. Este modelo foi denominado modelo de efeitos aditivos principais e interação multiplicativa (AMMI) por Gauch (1988), Gauch e Zobel (1988) e Zobel, Wright e Gauch (1988), e tem sido intensamente utilizado para avaliação de ensaios de cultivares. Modelos que combinam termos aditivos e multiplicativos como o AMMI, o modelo de regressão de colunas (*CREG*) e o modelo de regressão de linhas (*SREG*) foram generalizados por Cornelius e Seyedsadr (1997).

De acordo com esses autores, estes modelos pertencem a uma classe de modelos que pode ser representada em notação matricial da seguinte forma:

$$y = \beta_r \mathbf{X}_r + \mathbf{X}_c \beta_c + \sum_{k=1}^p \lambda_k \alpha_k \gamma'_k + \epsilon \quad (1)$$

sendo que: \mathbf{X}_r é uma matriz delineamento ($r \times n$) em que r é o número de linhas, \mathbf{X}_c é uma matriz delineamento ($n \times c$) em que c é o número de colunas, β_r é o vetor de efeito de linha, β_c é o vetor de efeito de coluna, ϵ é o vetor de erros observados e n é o número de observações.

Segundo Gabriel (1978), as estimativas de mínimos quadrados dos parâmetros do modelo (1) podem ser obtidas em dois estágios. No primeiro estágio tem-se a solução de mínimos quadrados para os termos lineares, ignorando os termos bilineares. Na segunda etapa são obtidas as estimativas dos termos bilineares pela decomposição por valores singulares da matriz de interação.

$$Z = y - \beta_r \mathbf{X}_r - \beta_c \mathbf{X}_c \quad (2)$$

Os modelos lineares-bilineares - em que as estimativas dos efeitos lineares são obtidas independentemente das estimativas dos efeitos bilineares - são designados por Cornelius e Seyedsadr (1997) como modelos Lineares-Bilineares equilibrados (*BLBM*).

Esses modelos têm sido úteis na análise de dados envolvendo dois fatores, com interação, especialmente quando fatores linha e coluna não têm estruturas específicas que possam sugerir contrastes entre eles. Isto é particularmente importante em melhoramento de plantas, onde genótipos (linhas) são avaliados em diversos ambientes (colunas) e a interação GE é um complicador para seleção de um novo ciclo. Dentre os modelos $BLBM$, o modelo AMMI é o mais utilizado e discutido na literatura.

2.3 Modelo AMMI com efeitos fixos

O modelo AMMI consiste em um procedimento para o estudo de dois fatores dispostos em tabela de dupla entrada (GAUCH, 1988). A análise AMMI foi proposta inicialmente por Gollob (1968) e Mandel (1971) e combina termos lineares (aditivos - os efeitos principais) e bilineares (multiplicativos - o efeito de interação) em um único procedimento. O modelo é dado por:

$$y_{ij} = \mu + \tau_i + \delta_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \epsilon_{ij} \quad (3)$$

sendo y_{ij} , μ , τ_i e δ_j a observação do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente, a média geral, o efeito do i -ésimo genótipo, o efeito do j -ésimo ambiente, respectivamente. Os termos no somatório correspondem aos parâmetros da interação entre os dois fatores, sendo λ_k é o k -ésimo valor singular e α_{ik} e γ_{jk} são os elementos do k -ésimo vetor singular genotípico e k -ésimo vetor singular ambiental, respectivamente. O termo ϵ_{ij} refere-se ao erro experimental admitido ter distribuição normal e variância comum.

O modelo AMMI possui, ainda, as seguintes restrições:

- 1 Ortonormalização: $\sum_i \alpha_{ik}^2 = \sum_j \gamma_{jk}^2 = 1$, $\sum_i \alpha_{ik} \alpha'_{ik} = \sum_j \gamma_{jk} \gamma'_{jk} = 0$, $k' \neq k$;
- 2 Identificabilidade: $\sum_i \tau_i = \sum_j \delta_j = \sum_i (\tau\delta)_{ij} = \sum_j (\tau\delta)_{ij} = 0$.

Este modelo combina análise de variância (ANOVA) e decomposição em valores singulares (DVS) para ajustar os efeitos principais (genótipos e ambientes) e os efeitos da interação GE , respectivamente. Isto permite um maior detalhamento da soma de quadrados da interação e, conseqüentemente, traz vantagens quando comparado a outros métodos tradicionais de análise.

O ajuste do modelo é realizado em dois estágios. Primeiramente os efeitos principais são ajustados por uma ANOVA simples. Os resíduos do ajuste das médias das caselas aos efeitos principais compõem a tabela de interação GE (erros

de não aditividade). Então, o segundo estágio é realizado pelo ajuste da matriz da interação GE (termos multiplicativos) pela decomposição por valores singulares.

Com este modelo é possível decompor a soma de quadrados originais da interação GE (SQ_{GE}) em eixos singulares, ortogonais, que podem ser separados em duas partes: padrão e falta de padrão. A primeira parte possibilita a identificação de fatores ambientais e genotípicos mais diretamente relacionados à interação. A segunda parte, sem interesse agrônomico, é descartada, propiciando uma melhoria na capacidade preditiva das respostas fenotípicas (GAUCH, 1988). Dessa forma, ao desprezar a falta de padrão para explicar o fenômeno, o modelo torna-se parcimonioso.

$$y_{ij} = \mu + \tau_i + \delta_j + \underbrace{\sum_{k=1}^{p^*} \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk}}_{\text{padrão}} + \underbrace{\sum_{k=p^*+1}^p \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk}}_{\text{falta de padrão}} + \epsilon_{ij} \quad (4)$$

sendo:

p^* é o número de componentes selecionado para explicar o padrão da interação.

2.4 Biplot

Além das vantagens anteriormente mencionadas, o modelo AMMI, tal como outros modelos multiplicativos, permite uma interpretação gráfica, em relação aos escores genotípicos e ambientais do modelo, através dos chamados gráficos biplots, em que as linhas e as colunas da matriz de interação genótipo por ambiente são representadas conjuntamente.

Por meio da utilização destes gráficos, consegue-se visualizar padrões existentes, identificando genótipos e ambientes estáveis, bem como adaptações específicas entre genótipos e ambientes (GAUCH; ZOBEL, 1996). Essa técnica foi proposta por Gabriel (1971), mostrando que qualquer matriz ($n \times p$), de ordem maior que dois, pode ser aproximada por uma matriz de ordem dois, sendo cada elemento da matriz representado pelo produto interno dos vetores correspondentes às suas linhas e colunas.

Assim, a matriz de interação GE pode ser fatorada por meio da decomposição por valores singulares da seguinte forma:

$$GE = \mathbf{U}_{g \times a} \mathbf{S}_{a \times a} \mathbf{V}'_{a \times a} = \underbrace{\mathbf{U}_{g \times a} \mathbf{S}_{a \times a}^{1/2}}_{\mathbf{G}} \underbrace{\mathbf{S}_{a \times a}^{1/2} \mathbf{V}'_{a \times a}}_{\mathbf{E}} \quad (5)$$

$$GE \propto \tilde{\mathbf{U}}_{g \times 2} \tilde{\mathbf{S}}_{2 \times 2} \tilde{\mathbf{V}}'_{2 \times a} = \underbrace{\tilde{\mathbf{U}}_{g \times 2} \tilde{\mathbf{S}}_{2 \times 2}^{1/2}}_{\tilde{\mathbf{G}}} \underbrace{\tilde{\mathbf{S}}_{2 \times 2}^{1/2} \tilde{\mathbf{V}}'_{2 \times a}}_{\tilde{\mathbf{E}}} \quad (6)$$

em que \mathbf{U} , \mathbf{V} e \mathbf{S} são as matrizes resultantes da decomposição por DVS, sendo

$g \geq a$,

$\tilde{\mathbf{U}}_{g \times 2}$ é uma matriz com os dois primeiros autovetores genotípicos;

$\tilde{\mathbf{S}}_{2 \times 2}$ é uma matriz diagonal com os dois primeiros valores singulares λ_1 e λ_2 ;

$\tilde{\mathbf{V}}'_{2 \times a}$ é uma matriz com os dois primeiros autovetores ambientais;

$\tilde{\mathbf{G}}$ é a matriz com os escores genotípicos;

$\tilde{\mathbf{E}}$ é a matriz com os escores ambientais

A matriz \mathbf{S} é uma matriz diagonal de ordem p , com os valores singulares na diagonal, sendo $p = \min(g - 1, a - 1)$ o posto da matriz de interação GE . As matrizes \mathbf{U} e \mathbf{V} são compostas pelos denominados vetores singulares à esquerda e à direita de \mathbf{S} , respectivamente. Em (6) considera-se as matrizes $\tilde{\mathbf{U}}$, $\tilde{\mathbf{V}}$ e $\tilde{\mathbf{S}}$, que são aproximações das matrizes originais da DVS e que, em termos práticos, possuem postos um, dois ou três, determinando os biplots AMM1, AMM2 e AMM3. No contexto da experimentação, os biplots mais utilizados são o biplot AMM1, em que os escores genotípicos e ambientais são plotados com as médias dos níveis dos fatores genotípicos e ambientais e biplot AMMI2, em que são plotados os dois primeiros escores genotípicos e ambientais. A interpretação gráfica é realizada pela observação das normas dos vetores determinados pelos escores e pelo ângulo formado entre os vetores dos escores genotípico e ambiental.

2.5 Seleção de componentes bilineares no modelo AMMI-fixo

Como já enfatizado anteriormente, o modelo AMMI é parcimonioso, pois os termos bilineares são obtidos pela decomposição por valores singulares, permitindo separar o conjunto de dados em padrão e falta de padrão. Assim, uma etapa essencial da análise AMMI é a determinação do número de termos multiplicativos a ser retido no modelo. Dentre os métodos existentes para seleção de componentes para modelos de efeitos fixo, destacam-se os mais utilizados: Teste F de (GOLLOB, 1968), teste F_r de (CORNELIUS; SEYEDSADR; CROSSA, 1992), validação cruzada (GAUCH, 1988).

2.5.1 Teste F_{Gollob}

No teste de Gollob (1968), a significância do k -ésimo valor singular é verificada em relação ao quadrado médio do erro médio. Os graus de liberdade de Gollob são dados pela diferença entre o número de parâmetros estimados e o

número de restrições do modelo ($GL_{IPCA_k} = g + a - 1 - 2k$). Assim, cada eixo de interação $IPCA_k$ tem um valor singular λ_k , g elementos para o vetor α_k e a elementos para o vetor γ_k , o que resulta em $(g + a + 1)$ parâmetros estimados. Por outro lado, os vetores singulares possuem as restrições de que $\sum_i \alpha_{ik} = 0$ e $\sum_j \gamma_{jk} = 0$ (2 restrições), normas unitárias $\sum_i \alpha_{ik}^2 = 1$ e $\sum_j \gamma_{jk}^2 = 1$ (2 restrições) e, finalmente, a restrição de ortogonalidade, $2(k - 1)$ restrições.

$$H_0 : \lambda_k = 0 \text{ vs } H_1 : \lambda_k \neq 0$$

$$F_{Gollob} = \frac{\lambda_k^2 / GL_{IPCA_k}}{S^2}$$

sendo S^2 o quadrado médio do erro médio.

Nos estudos de Cornelius (1993) e Piepho (1995), concluiu-se que o teste de Gollob (1968) é o mais liberal porque tende a produzir um ou mais termos falsamente significativos.

2.5.2 Teste F_R Cornelius

Outro procedimento bastante utilizado é o teste proposto por Cornelius, Seyedsadr e Crossa (1992), realizado sob a hipótese nula de que não há mais do que p termos determinando a interação. O grau de liberdade para este teste é dado por $f_2 = (g - 1 - p)(a - 1 - p)$ e um resultado significativo indica que pelo menos mais um termo bilinear deve ser incorporado aos p já ajustados. Desta forma, pode ser considerado como um teste para a significância dos primeiros termos da interação mais um. A estatística de teste é dada por:

$$F_R = \left[SQ_{GE} - \sum_{k=1}^p \lambda_k^2 \right] / f_2 S^2$$

sendo:

SQ_{GE} a soma de quadrado da interação e f_2 os graus de liberdade.

Outro aspecto a ser enfatizado é que os graus de liberdade do numerador são iguais aos graus de liberdade para toda interação menos os graus de liberdade de Gollob (1968) para os p primeiros termos. O teste equivale, portanto, ao teste do resíduo AMMI para a interação GE .

Estudos desenvolvidos por Piepho (1995), comparando quatro procedimentos de seleção dos termos multiplicativos para o modelo AMMI, dentre eles o teste de Cornelius, Seyedsadr e Crossa (1992) e Gollob (1968), aponta o teste F_R como o mais robusto.

2.5.3 Validação cruzada

A precisão de um modelo estatístico, segundo Gauch e Zobel (1988), pode ser avaliada por dois critérios: o *posdictivo*, como no teste F , que se refere ao ajuste de um modelo para os seus próprios dados, e *predictivo*, como a validação cruzada, que consiste em dividir os dados de repetição, para cada combinação de genótipos e ambientes, em dois conjuntos por meio de um processo aleatório. O primeiro conjunto é destinado para ajustar o modelo e o segundo para validá-lo.

As respostas previstas por um determinado modelo da família AMMI são confrontadas com os respectivos dados de validação. As diferenças entre estes valores devem ser calculadas, a soma de quadrados destas diferenças deve ser dividida pelo número total delas e, finalmente, deve-se tomar a raiz quadrada deste resultado, o qual é denominado de diferença média preditiva (RMSPD). Esse procedimento deve ser repetido tomando-se a média dos resultados para cada membro da família de modelos AMMI. O modelo escolhido é o que possui menor valor de RMSPD, que é utilizado, então, para analisar os dados de todas as r repetições, em uma análise definitiva (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

Várias vantagens são obtidas pela avaliação preditiva, dentre elas que o modelo preditivo pode prever validação de dados melhores do que os dados utilizados para construí-lo e tendem a diagnosticar modelos mais simples e mais parcimoniosos que os modelos baseados em avaliação *posdictiva*.

2.5.4 Leave-one-out

O método *leave-one-out* é um procedimento de validação cruzada que consiste em dividir o conjunto total de dados em n subconjuntos mutuamente exclusivos e do mesmo tamanho repetindo k vezes, de modo que cada um dos n subconjuntos seja utilizado exatamente uma vez como dado de teste para validação do modelo. Dias e Krzanowski (2003) propuseram dois métodos baseados em *leave-one-out*, de forma que a validação do ajuste do modelo ocorra para cada observação, otimizando o procedimento de validação cruzada proposto por Gabriel (2002) e Krzanowski (1987).

Aqui será abordado apenas o primeiro, que consiste-se em prever elementos x_{ij} de uma matriz \mathbf{X} , sendo essa predição realizada da seguinte forma:

$$x_{ij} = \sum_{k=1}^m s_k u_{ik} v_{jk} + \epsilon_{ij}$$

sendo: s_k corresponde ao k -ésimo valor singular, u_{ik} e v_{jk} aos vetores singulares obtidos por decomposição de valor singular.

Em ambos os métodos, prediz-se o valor \hat{x}_{ij}^m de x_{ij} ($i = 1, \dots, g$; $j = 1, \dots, a$)

para as possíveis escolhas de m (o número de componentes), e a medida da distância entre o valor predito e o valor observado, dada por:

$$PRESS(m) = \sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^e (x_{ij}^m - x_{ij})^2$$

Krzanowski (1987) argumenta que, para tornar mais precisa a predição, os grupos excluídos devem ser os menores possíveis, o que leva ao caso mais simples de exclusão de apenas um elemento da matriz \mathbf{X} . A predição de \hat{x}_{ij}^m é realizada da seguinte forma: dada a matriz \mathbf{X} , exclui-se a i -ésima linha da matriz e centraliza em torno da média da coluna, resultando na matriz $\mathbf{X}^{(-i)}$; similar ao que foi feito para linha, atribui-se para coluna: dada a matriz \mathbf{X} , exclui-se a j -ésima coluna da matriz e centraliza em torno da média da linha, resultando na matriz $\mathbf{X}_{(-j)}$. Então, as matrizes são fatoradas por DVS e a estimativa \hat{x}_{ij}^m é dada por:

$$\mathbf{X}^{(-i)} = \bar{\mathbf{U}} \bar{\mathbf{S}} \bar{\mathbf{V}}'$$

$$\bar{\mathbf{U}} = (\bar{u}_{st}), \quad \bar{\mathbf{V}}' = (\bar{v}_{st}) \text{ e } \bar{\mathbf{S}} = \text{diag}(\bar{s}_1, \dots, \bar{s}_p)$$

$$\mathbf{X}_{(-j)} = \tilde{\mathbf{U}} \tilde{\mathbf{S}} \tilde{\mathbf{V}}'$$

$$\tilde{\mathbf{U}} = (\tilde{u}_{st}), \quad \tilde{\mathbf{V}}' = (\tilde{v}_{st}) \text{ e } \tilde{\mathbf{S}} = \text{diag}(\tilde{s}_1, \dots, \tilde{s}_{p-1})$$

E, por fim, tem-se que:

$$\hat{x}_{ij}^m = \sum_{t=1}^m \left(\tilde{u}_{it} \sqrt{\tilde{s}_t} \right) \left(\tilde{v}_{tj} \sqrt{\tilde{s}_t} \right).$$

Como forma de não provocar viés, as observações retiradas x_{ij} não devem ser usadas, para estimar \hat{x}_{ij}^m para cada i e j .

Para determinar o número de componentes multiplicativos do modelo responsável pelo padrão da interação utiliza-se a expressão (7) abaixo.

$$W_m = \frac{PRESS_{(m-1)} - PRESS_{(m)}}{\frac{D_m}{\frac{PRESS_{(m)}}{D_r}}} \quad (7)$$

$$D_m = g + a - 2m, \quad D_1 = (g - 1)a \quad D_r = D_{r-1} - (g + a - 2(m - 1)),$$

sendo:

D_m graus de liberdade necessários para ajustar m -ésimo componente;

D_r graus de liberdade restantes após ajustar o m -ésimo componente;

$r = 2, 3, \dots, (g - 1)$.

Componentes importantes devem produzir valores W_m maiores que um. Caso ocorra de W_m apresentar mais de uma estimativa superior a um, o número de componentes responsável pelo padrão da interação é determinado pelo maior valor de m . Se nenhuma dessas estimativas for maior que um, o modelo é explicado apenas pelos termos lineares (efeitos principais), ou seja, o modelo torna-se *AMMI0*.

2.6 Inferência bayesiana

A inferência bayesiana fundamenta-se sobre uma interpretação, essencialmente, subjetiva de probabilidade e permite expressar incerteza genérica ou “grau de crença” a qualquer quantidade desconhecida (SPIEGELHALTER; ABRAMS; MYLES, 2004). Assim, é possível combinar informação prévia com as informações fornecidas pelos dados do experimento realizado. Para fazer esta associação, a ferramenta utilizada é o Teorema de Bayes, dado por:

$$P(A|B) = \frac{P(B|A)P(A)}{P(B)} \quad (8)$$

No contexto bayesiano, a distribuição representada por $P(A|B)$ é denominada distribuição a posteriori, que é obtida a partir da combinação entre a função de verossimilhança $P(B|A)$, que representa as informações a respeito do parâmetro a partir dos dados, e $P(A)$, a distribuição a priori, referente às informações consideradas antes da realização do experimento. Toda inferência é, então, realizada com base na distribuição a posteriori.

2.6.1 Distribuições a priori e a posteriori

A informação disponível a respeito do parâmetro é incorporada por meio de distribuições a priori. Caso se tenha um conhecimento vago a respeito do parâmetro ou não se queira incorporar qualquer informação, a não ser a disponibilizada a partir dos dados amostrais, utilizam-se as denominadas prioris não informativas. A regra de Bayes-Laplace, que considera todos os possíveis valores do parâmetro como igualmente prováveis (priori uniforme), e o método de Jeffreys (1961), baseado na medida de informação esperada de Fisher, são procedimentos frequentemente utilizados quando se deseja incorporar priores vagas aos parâme-

tros (PAULINO; TURKMAN; MURTEIRA, 2003).

A incorporação de informações substanciais na análise bayesiana pode ser realizada por diversos critérios. Um deles é utilizar famílias de distribuições conjugadas, que constitui um dos principais conceitos para modelar a distribuição a posteriori pelas facilidades de manipulações matemáticas. Famílias conjugadas baseiam-se na ideia de que as distribuições a posteriori e a priori pertençam à mesma classe de distribuições, permitindo incorporar informações por meio da escolha apropriada dos hiperparâmetros (BERNARDO; SMITH, 1994).

A densidade da distribuição a posteriori, como já relatada, é obtida pela atualização do conhecimento a partir da informação a priori com a informação dos dados do experimento. Desta forma, a distribuição a posteriori será equivalente à função de verossimilhança, relativa aos dados observados, caso a priori utilizada seja constante ou o tamanho da amostra seja elevado. Por outro lado, a densidade a posteriori e a função de verossimilhança serão substancialmente diferentes dependendo da quantidade de informação incorporada ao parâmetro pela distribuição a priori.

2.6.2 Estimação pontual e intervalar

A estimação pontual de um parâmetro θ , na inferência bayesiana, pode ser tratada de acordo com a teoria da decisão. Um problema de decisão envolve a especificação do espaço (Θ) dos possíveis valores para o parâmetro θ , o espaço das ações possíveis (A) e o espaço dos possíveis resultados do experimento Ω (MIGON; GAMERMAN, 1999).

Assim, é razoável que os possíveis valores de um estimador $\delta(X)$ também pertençam ao espaço Θ . Além disso, um bom estimador é aquele para o qual, com alta probabilidade, o erro $\delta(X) - \theta$ está próximo de zero; sendo assim, para cada valor θ é possível estimar $a \in \Theta$. Pode-se então, associar uma função perda de modo a medir a perda obtida através da estimação.

Uma função perda L é uma função associada a cada regra de decisão $\delta(x)$, $x \in \Omega$, para cada possível valor $\theta \in \Theta$. Desta forma, é possível obter uma medida de penalização relativa à decisão $\delta(x)$ quando o valor verdadeiro do parâmetro é θ . A perda esperada a posteriori é o risco associado a uma determinada regra de decisão:

$$R(\delta) = E(\theta|x)(L(\delta, \theta))$$

A decisão que minimiza o risco esperado, de acordo com a função perda apropriada, é o estimador pontual para o parâmetro. As estimativas pontuais mais frequentemente utilizadas na inferência bayesiana são a média, a mediana e a moda da distribuição conjunta a posteriori, que são obtidas como risco esperado

referentes às funções de perdas quadráticas, perdas absolutas e zero-um, respectivamente (BERGER, 1985).

Contudo, ao resumir a inferência a posteriori a cerca de um parâmetro em valores pontuais, cai-se no problema de não ter uma medida de precisão sobre as estimativas obtidas. Sendo assim, um resumo mais substancial da função conjunta a posteriori pode ser obtido por meio de intervalos de valores no espaço paramétrico, denominados regiões de credibilidade. Uma região $C \subset \Theta$ é um intervalo de credibilidade para θ se $P(\theta \in C|y) \geq 1 - \alpha$, sendo θ uma quantidade desconhecida no espaço paramétrico Θ . O termo $1 - \alpha$ é dito ser o nível de credibilidade.

Baseado nesta definição, uma infinidade de regiões de credibilidade distintas podem ser construídas, considerando um determinado nível de credibilidade. Em muitas situações são utilizadas regiões que contenham todos os valores do parâmetro com maior credibilidade a posteriori e são denominadas regiões com máxima densidade a posteriori (HPD) (BOX; TIAO, 2011). Na perspectiva bayesiana, regiões de credibilidade fornecem uma razoável solução ao problema de estimação intervalar, já que para um determinado α ($0 < \alpha < 1$), uma região de credibilidade ao nível de $100(1 - \alpha)\%$ contem os verdadeiros valores do parâmetro com probabilidade a posteriori de $1 - \alpha$. Assim regiões de credibilidade possibilitam uma interpretação probabilística direta em relação ao parâmetro que é considerado uma variável aleatória (BERNARDO; SMITH, 1994).

2.6.3 Inferência via técnicas MCMC

Para a estimação dos parâmetros é necessário obter amostras a partir das distribuições marginais. Todavia, soluções analíticas são muitas vezes intratáveis, o que leva à procura por soluções aproximadas através de procedimentos iterativos. Um dos métodos mais utilizados, atualmente, são simulações baseadas em cadeia de Markov, simuladas por procedimentos de Monte Carlo (GELMAN et al., 2003).

A ideia básica dos métodos MCMC é construir uma cadeia de Markov em que a distribuição de equilíbrio seja a distribuição de interesse, neste caso, a distribuição a posteriori. Após um número finito de iterações espera-se que as cadeias produzidas atinjam a distribuição de equilíbrio e, a partir deste ponto, obtém-se uma amostra da distribuição a posteriori dos parâmetros (GAMERMAN; LOPES, 2006).

Dentre os métodos para se construir cadeias de Markov está o algoritmo de Gibbs, utilizado quando se consegue amostrar diretamente da distribuição condicional completas à posteriori. O algoritmo Metropolis-Hastings, por sua vez, é utilizado caso as densidades condicionais a posteriori não possuam formas conhecidas ou mesmo sendo conhecidas não permitam amostragem direta (PAULINO; TURKMAN; MURTEIRA, 2003).

2.7 Modelo AMMI bayesiano

A primeira abordagem bayesiana para o modelo AMMI foi proposta por Viele e Srinivasan (2000). Estes autores atribuíram um conjunto de prioris não informativas para os parâmetros do modelo e utilizaram o amostrador de Gibbs, juntamente com o Metróplis-Hastings, para conduzir a amostragem a partir das distribuições a posteriori condicionais encontradas para os parâmetros. O maior problema com relação ao procedimento bayesiano para o modelo AMMI está relacionado às distribuições para os termos multiplicativos do modelo, que devem satisfazer as condições impostas pela decomposição por valores singulares.

Viele e Srinivasan (2000) atribuíram priori uma distribuição normal truncada para os valores singulares de forma a satisfazer as restrições de que $\lambda_k \geq 0$ e, ainda, de que $\lambda_k \geq \lambda_{(k+1)}$. Para os vetores singulares, foram atribuídas distribuições esféricas uniformes no subespaço corrigido, de forma a satisfazer a restrição de que esses vetores são ortogonais a t vetores no espaço \mathfrak{R}^m , para $m = a$ ambientes ou $m = g$ genótipos. Para amostrar desses vetores, os autores conduziram a amostragem no subespaço corrigido, onde os vetores não possuem restrição de ortogonalidade e, por meio de uma transformação linear, construíram bases convenientes pelo processo de ortogonalização de Gram Shimidht, representando os vetores no subespaço correto em \mathfrak{R}^m .

Outras abordagens bayesianas para o modelo AMMI foram realizadas por Crossa et al. (2011) e Liu (2001). Estes autores derivaram um conjunto de distribuições condicionais completas, de forma que a amostragem pode ser realizada diretamente utilizando o algoritmo de Gibbs. Liu (2001) demonstrou que os vetores singulares têm distribuição a posteriori condicional Von Mises-Fisher, que também é uma distribuição esférica. Além disso, estes vetores devem ser ortogonais a t vetores no espaço m , tal como considerado anteriormente para a distribuição esférica uniforme.

Outro fato observado por Viele e Srinivasan (2000), no que se refere aos vetores singulares, é que as médias dos vetores singulares resultantes não satisfazem a restrição de ortonormalidade, de forma que para obter as estimativas é preciso ortonormalizar a matriz contendo os vetores formados pelas médias das coordenadas obtidas pelas cadeias MCMC geradas. Um método formal para obter estimativas dos vetores singulares é proposto por Liu (2001) da seguinte forma:

$$\bar{\mathbf{A}}_{(m \times n)} = \mathbf{LDV}' \quad (9)$$

em que:

$\bar{\mathbf{A}}_{(m \times n)}$ representa a matriz $\bar{\mathbf{G}}$ ou $\bar{\mathbf{E}}$, e $m \geq n$

$\bar{\mathbf{G}}$ é a matriz de médias a posteriori dos escores genotípicos;

$\bar{\mathbf{E}}$ é a matriz de médias a posteriori dos escores ambientais;

$\mathbf{D}_{(m \times n)}$ é uma matriz diagonal; $\mathbf{L}_{(n \times n)}$ e $\mathbf{V}'_{(n \times n)}$ são matrizes formadas por vetores singulares à esquerda e à direita respectivamente.

E a única solução que satisfaz as restrições de ortonormalização é:

$$\hat{\mathbf{A}} = \mathbf{L}\mathbf{V}' \quad (10)$$

Para as estimativas dos demais parâmetros do modelo são utilizadas as médias a posteriori.

Crossa et al. (2011) citam como vantagens da abordagem bayesiana: o fato de esta oferecer novas oportunidades para incorporação eficiente de histórico de dados sobre os ambientes e genótipos úteis para atingir os objetivos de melhoristas; oferecer regiões de densidade em torno dos parâmetros estimados da GE , possibilitando inferência estatística acerca dos escores ambientais; lidar com dados desbalanceados e heterogeneidade de variância.

2.8 Seleção de componentes bilineares no modelo AMMI-bayesiano

A seleção de componentes bilineares referentes à interação entre genótipos e ambientes, no contexto da inferência bayesiana, tem sido realizada pelos critérios: critério informação de Akaike (AIC), critério de informação bayesiano (BIC) e fator de Bayes (BF) (LIU, 2001; PEREZ-ELIZALDE; JARQUIN; CROSSA, 2012). Estes métodos de seleção são definidos a seguir.

2.8.1 Critério de Informação Akaike (AIC)

O critério de informação proposto por Akaike (1974) é uma medida relativa à qualidade do ajuste de um modelo, baseada na função de log-verossimilhança em seu ponto máximo penalizada pelo número de parâmetros que compõe o modelo. E, sendo assim, o critério de Akaike é um critério de seleção de modelo dentre os possíveis modelos que se ajusta a um conjunto de dados. E o melhor modelo será o que obtiver menor informação de AIC dentre todos, dada por

$$AIC = -2\ln(L(\hat{\theta}_p)) + 2p$$

sendo $L(\hat{\theta}_p)$ a máxima verossimilhança para o modelo estimado e p o número de parâmetros.

2.8.2 Critério Informação Bayesiano (BIC)

O Critério de informação bayesiano (BIC), proposto Schwarz (1978) é um critério de seleção de modelo considerando a densidade a posteriori do modelo

ajustado; o melhor modelo será o que apresentar o menor valor do BIC, dado por

$$BIC = -2\ln(L(\hat{\theta}_p)) + \ln(n)p$$

sendo $L(\hat{\theta}_p)$ a função de verossimilhança, p o número de parâmetros do modelo e n o número de observações.

2.8.3 Fator de Bayes (FB)

Este critério é usado para comparar dois modelos M_k e $M_{k'}$, e para isso utiliza as funções de densidade a posteriori marginais de cada modelo. Um modelo M_k será melhor se sua função de densidade a posteriori marginal for maior que a de $M_{k'}$, $P(Y|M_k) > P(Y|M_{k'})$.

A função densidade a posteriori marginal para cada modelo é dada por:

$$P(Y|M_k) = \int (Y|\theta_k, M_k)P(\theta_k|M_k)d\theta_k$$

O fator de Bayes é a razão dos dois modelos que se deseja avaliar.

$$FB = \frac{P(Y|M_k)}{P(Y|M_{k'})}$$

3 Estimador com efeito *Shrinkage*

O estimador de mínimos quadrados, ou de máxima verossimilhança, no contexto de modelos lineares é denominado BLUE (*Best Linear Unbiased Estimator*), isto é, o melhor estimador linear não viesado. Todavia, relaxando a condição de ausência de viés e considerando o erro quadrático médio como critério para a avaliação de estimadores, pode-se introduzir um novo tipo de estimador que produz um efeito de retração nos coeficientes dos estimadores de quadrados mínimos, denominado estimador *shrinkage*. Geralmente um estimador, com efeito *shrinkage*, tem a forma de um escalar com valores compreendidos entre zero e um, multiplicado por um estimador de quadrados mínimos ou máxima verossimilhança.

A média aritmética, por exemplo, não é considerada o melhor estimador para a média populacional, quando se considera uma matriz com n vetores ($n \geq 3$), existindo um estimador que proporciona menor erro quadrático médio (EQM). Desta forma, a média aritmética é dita ser um estimador inadmissível, de acordo com Stein (1956). Estimadores com efeito *shrinkage*, geralmente são viesados. Contudo, aumentando o número de tratamentos (n -vetores) o viés tende a diminuir e o estimador tende a ser aproximadamente não viesado (RESENDE, 2007).

No contexto de melhoramento de plantas existe o interesse em ordenar os materiais genéticos com base em seus valores genotípicos, livres dos efeitos ambientais. As médias fenotípicas, estimadas pelo método de quadrados mínimos, não são as melhores ferramentas para este fim, já que não se constituem estimadores que minimizam o EQM. Como destacado por Resende (2007), a forma de se eliminar os efeitos residuais de ambientes presentes em dados fenotípicos é utilizando *shrinkage*. Não se trata apenas da escolha de modelos com efeitos fixos ou aleatórios, e sim na seleção de preditores mais acurados e de mínimo erro quadrático médio. Nesta classe de preditores que promovem encolhimento estão os estimadores de James e Stein (1961), que não supõem efeito aleatório; os estimadores bayesianos, em que os parâmetros são considerados variáveis aleatórias; e os melhores preditores lineares não viesados (BLUP) dos modelos mistos (HENDERSON, 1973).

Considerando o caso geral para o modelo com interação entre dois fatores de efeitos fixos tem-se:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\boldsymbol{\gamma} + \mathbf{W}\mathbf{a} + \boldsymbol{\epsilon}$$

$$\mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} - \mathbf{Z}\boldsymbol{\gamma} = \mathbf{W}\mathbf{a} + \boldsymbol{\epsilon}$$

$$\mathbf{y}^* = \mathbf{W}\mathbf{a} + \boldsymbol{\epsilon}$$

$$\mathbf{y}^* \sim N(\mathbf{W}\mathbf{a}, \mathbf{I}\sigma^2) \text{ e } \boldsymbol{\epsilon} \sim N(\emptyset, \mathbf{I}\sigma^2)$$

em que $\boldsymbol{\beta}$ e $\boldsymbol{\gamma}$ são vetores contendo os efeitos dos fatores e \mathbf{a} é o vetor com os efeitos de interação entre os fatores $\boldsymbol{\beta}$ e $\boldsymbol{\gamma}$.

Os estimadores de mínimos quadrados da média e da variância para efeito da interação são:

$$\hat{\mathbf{a}} = (\mathbf{W}'\mathbf{W})^{-1}\mathbf{W}'\mathbf{y}^*$$

$$\text{var}(\hat{\mathbf{a}}) = (\mathbf{W}'\mathbf{W})^{-1}\sigma^2$$

em que $(\mathbf{W}'\mathbf{W})^{-1}$ é uma matriz diagonal $1/r$ e r é o número de repetições, referente à combinação entre o fator $\boldsymbol{\beta}$ e o fator $\boldsymbol{\gamma}$.

Então, o estimador *shrinkage* para \mathbf{a} é aquele que minimiza o erro quadrático médio.

$$EQM(k\hat{\mathbf{a}}) = E[(k\hat{\mathbf{a}} - \mathbf{a})(k\hat{\mathbf{a}} - \mathbf{a})']$$

$$EQM(k\hat{\mathbf{a}}) = k^2(\mathbf{W}'\mathbf{W})^{-1}\sigma^2 + (E(k\hat{\mathbf{a}}) - \mathbf{a})(E(k\hat{\mathbf{a}}) - \mathbf{a})'$$

Tomando um termo da matriz de interação a_{ij} , referente à combinação

entre o fator i e o fator j , e sendo \hat{a}_{ij} o seu estimador, temos que:

$$EQM(k\hat{a}_{ij}) = k^2 \frac{\sigma^2}{r} + (E(k\hat{a}_{ij}) - a_{ij})^2$$

$$EQM(k\hat{a}_{ij}) = k^2 \frac{\sigma^2}{r} + k^2 a_{ij}^2 - 2ka_{ij}^2 + a_{ij}^2$$

Deve-se encontrar k de forma a minimizar o EQM; então, deriva-se esta expressão em relação a k .

$$\frac{\partial EQM(k\hat{a}_{ij})}{\partial k} = k^2 \frac{\sigma^2}{r} + k^2 a_{ij}^2 - 2ka_{ij}^2 + a_{ij}^2$$

Igualando a zero e resolvendo em relação a k , tem-se:

$$2k \frac{\sigma^2}{r} + 2ka_{ij}^2 - 2a_{ij}^2 = 0$$

$$k \frac{\sigma^2}{r} + ka_{ij}^2 = a_{ij}^2$$

$$k\sigma^2 + rka_{ij}^2 = ra_{ij}^2$$

$$k(\sigma^2 + ra_{ij}^2) = ra_{ij}^2$$

$$k = \frac{ra_{ij}^2}{(\sigma^2 + ra_{ij}^2)}$$

Somando e subtraindo σ^2 no numerador tem-se que k é:

$$k = \left(1 - \frac{\sigma^2}{\sigma^2 + a_{ij}^2 r} \right)$$

Então, o estimador *shrinkage* de a_{ij} é:

$$k\hat{a}_{ij} = \left(1 - \frac{\sigma^2}{\sigma^2 + a_{ij}^2 r} \right) (y_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..})$$

$$k\hat{a}_{ij} = (1 - F^{-1}) (y_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..}) \quad (11)$$

Sendo assim, tem-se que o estimador *shrinkage* para interação entre dois fatores é o BLUP da interação, como pode ser observado na expressão abaixo:

$$\bar{y}_{..} + S_{\tau}(\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..}) + S_{\delta}(\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..}) + \underbrace{S_{\tau\delta}(y_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..})}_{\text{BLUP da interação}} \quad (12)$$

sendo $S_{\tau\delta} = (1 - \frac{n\sigma_{\tau\delta}^2}{\sigma^2 + n\sigma_{\tau\delta}^2})$.

Dessa forma, pode-se entender que usar estimador *shrinkage* para efeito fixo de interação é uma forma de obter estimativas de um modelo aleatório (BLUP) para interação sem ter que assumir suas suposições.

Para estudos da adaptabilidade e estabilidade genotípica, Cornelius et al. (1996) propuseram o uso de um estimador com efeito *shrinkage* para os termos multiplicativos de modelos bilineares. Cornelius e Crossa (1999) argumentam que o uso deste estimador, para o ajuste do modelo AMMI, elimina a necessidade de testes estatísticos ou validação cruzada para determinar o número de termos multiplicativos a serem retidos. Os mesmos autores mostraram que, com o uso deste método, obtêm-se melhores predições quando comparado aos modelos truncados, a partir de testes estatísticos; e que as estimativas encontradas foram tão boas quanto ou, em alguns casos, melhores do que os BLUPs.

3.1 Estimador *Shrinkage* para modelo AMMI de efeito fixo

O estimador proposto por Cornelius e Crossa (1999) tem como base o modelo $\bar{y}_{ij.} = \mu + \tau_i + \gamma_j + (\tau\gamma)_{ij} + \bar{e}_{ij.}$, com $\bar{e}_{ij.}$ normalmente distribuídos e independentes com média zero e variância σ^2/n . É assumido que todos os termos α_{ik} e γ_{jk} satisfazendo as restrições do modelo têm probabilidade diferente de zero de ocorrer e, se não são igualmente prováveis, ao menos pode-se assumir que ambos são permutáveis. Como consequência à suposição de permutabilidade, tem-se que η_{ijk} e $\lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk}$ são não correlacionados, assim como η_{ijk} e $\lambda_{k'} \alpha_{ik'} \gamma_{jk'}$, para $k' \neq k$.

Cada componente multiplicativo estimado $\hat{\lambda}_k \hat{\alpha}_{ik} \hat{\gamma}_{jk}$ por mínimos quadrados é uma soma do valor observado $\lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk}$ com a perturbação η_{ijk} ,

$$\hat{\lambda}_k \hat{\alpha}_{ik} \hat{\gamma}_{jk} = \eta_{ijk} + \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk}.$$

Nos modelos bilineares, em especial o AMMI,

$$\sum_i \sum_j \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} = \sum_i \sum_j \hat{\lambda}_k \hat{\alpha}_{ik} \hat{\gamma}_{jk} = \sum_i \sum_j \eta_{ijk} = 0,$$

assumindo que

$$E \left[\sum_i \sum_j \hat{\lambda}_k \hat{\alpha}_{ik} \hat{\gamma}_{jk} \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} \right] = E [\lambda_k^2]$$

e

$$E \left[\sum_i \sum_j \eta_{ijk}^2 \right] = E [\hat{\lambda}_k^2] - E [\lambda_k^2].$$

A expressão $\sum_k S_k \hat{\lambda}_k \hat{\alpha}_{ik} \hat{\gamma}_{jk}$ tem como função estimar a contribuição de $\sum_k \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk}$ para a média da casela observada μ_{ij} , S_k é o fator shrinkage. O erro quadrático médio de estimação por casela é dado por:

$$\begin{aligned} EQM(\lambda_k) &= E \left[\sum_i \sum_j \left(\sum_k S_k \hat{\lambda}_k \hat{\alpha}_{ik} \hat{\gamma}_{jk} - \sum_k \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} \right)^2 \right] / ge \\ \frac{\partial(EQM(\lambda_k))}{\partial S_k} &= E \left[\sum_i \sum_j \left(\sum_k S_k \hat{\lambda}_k \hat{\alpha}_{ik} \hat{\gamma}_{jk} - \sum_k \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} \right)^2 \right] / ge \\ 2E \left[\sum_i \sum_j \left(\sum_k S_k \hat{\lambda}_k \hat{\alpha}_{ik} \hat{\gamma}_{jk} - \sum_k \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} \right) \left(\hat{\lambda}_k \hat{\alpha}_{ik} \hat{\gamma}_{jk} \right) \right] / ge &= 0 \\ E \left[\sum_i \sum_j \left(S_k \hat{\lambda}_k \hat{\alpha}_{ik} \hat{\gamma}_{jk} + \sum_{k' \neq k} S_{k'} \hat{\lambda}_{k'} \hat{\alpha}_{ik'} \hat{\gamma}_{jk'} - \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} - \right. \right. \\ &\quad \left. \left. \sum_{k' \neq k} \lambda_{k'} \alpha_{ik'} \gamma_{jk'} \right) \left(\hat{\lambda}_k \hat{\alpha}_{ik} \hat{\gamma}_{jk} \right) \right] = 0 \\ E \left[\sum_i \sum_j \left(S_k \hat{\lambda}_k^2 \hat{\alpha}_{ik}^2 \hat{\gamma}_{jk}^2 - \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} \hat{\lambda}_k \hat{\alpha}_{ik} \hat{\gamma}_{jk} \right) \right] &= 0 \\ E \left[S_k \hat{\lambda}_k^2 \sum_i \sum_j \hat{\alpha}_{ik}^2 \hat{\gamma}_{jk}^2 \right] &= E \left[\sum_i \sum_j \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} \hat{\lambda}_k \hat{\alpha}_{ik} \hat{\gamma}_{jk} \right] \end{aligned}$$

$$E[S_k \hat{\lambda}_k^2] = E[\lambda_k^2]$$

$$S_k = E[\lambda_k^2] / E[\hat{\lambda}_k^2]$$

Definido u_k de tal forma que $E[\eta_{ijk}^2] = u_k \sigma^2 / n$, e observando que $E[\eta_{ijk}^2] = E[\hat{\lambda}_k^2] - E[\lambda_k^2]$, como consequência tem-se:

$$E[\hat{\lambda}_k^2] - E[\lambda_k^2] = u_k \sigma^2 / n$$

$$E[\hat{\lambda}_k^2] - S_k E[\hat{\lambda}_k^2] = u_k \sigma^2 / n$$

$$-S_k E[\hat{\lambda}_k^2] = u_k \sigma^2 / n - E[\hat{\lambda}_k^2]$$

$$S_k = \frac{-u_k \sigma^2 / n + E[\hat{\lambda}_k^2]}{E[\hat{\lambda}_k^2]}$$

$$S_k = 1 - \frac{u_k \sigma^2 / n}{E[\hat{\lambda}_k^2]}$$

$$S_k = 1 - \frac{u_k \sigma^2}{n E[\hat{\lambda}_k^2]}$$

$$S_k = 1 - F_k^{-1}$$

$$F_k = \frac{n E[\hat{\lambda}_k^2]}{u_k \sigma^2}$$

Usando $\hat{\lambda}_k^2$ para estimar $E[\hat{\lambda}_k^2]$ e S^2 para estimar σ^2 tem-se que:

$$F_k = \frac{n \hat{\lambda}_k^2}{u_k S^2}$$

Cornelius e Crossa (1999) utilizam $\hat{\lambda}_k^2$ para estimar $\sum(\hat{\lambda}_k^2)$, usando a justificativa de que λ_k^2 é um parâmetro de escala do conjunto de efeitos do modelo e $n \hat{\lambda}_k^2$ é a soma de quadrado relativa a este conjunto de efeitos. Assim, este uso é coerente com a prática normal de usar somas de quadrados da análise de variância, ou quadrados médios, como estimativas de suas próprias esperanças.

Cornelius e Crossa (1999) constataram que usar u_k atribuindo graus de liberdade Gollob aos termos multiplicativos são geralmente tão bons quanto os graus de liberdade determinados por simulação, método que foi definido por Cornelius

et al. (1996). Usando os graus de liberdade de Gollob, as estimativas *shrinkage* ficam tão fáceis de serem obtidas quanto os BLUPs. Para a derivação de S_k é necessário assumir apenas que $E(\eta_{ijk}) = E(\eta_{ijk}\lambda_{k'}\alpha_{ik'}\gamma_{jk'}) = 0$, para todo k e k' (incluindo $k = k'$), isto é, os contrastes $\sum_i \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} = 0$ e/ou $\sum_j \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} = 0$ não são necessários.

Por fim, tem-se que o fator de retração para o estimador *shrinkage* proposto por Cornelius e Crossa (1999) é dado por $S_k = \max(1 - F_k^{-1}, 0)$.

Os autores comentam que, ocasionalmente, verificaram que $S_k \hat{\lambda}_{k-1} \geq S_{k-1} \hat{\lambda}_{k-1}$, o que viola a restrição do modelo $\hat{\lambda}_k \geq \hat{\lambda}_{k-1}$ e quando isso ocorre assume que $\hat{\lambda}_k = \hat{\lambda}_{k-1}$ e calcula-se uma estimativa combinada. Essa regra é aplicada sequencialmente e pode resultar em estimativa combinada de sequência de mais de dois valores singulares. Vale também ressaltar que neste método assume-se que o fator *shrinkage* varia entre zero e um, o que nem sempre ocorre.

4 MATERIAL E MÉTODOS

Nesta seção, será apresentado o material experimental e os métodos de análises realizadas neste trabalho.

4.1 Material

Serão utilizados dados de produtividade espiga em ($kg\ ha^{-1}$) de 55 híbridos de milho avaliados em experimentos conduzido por Machado et al. (2008) em nove ambientes, nos anos agrícolas de 2004 e 2005 (Tabela 1). O delineamento foi em blocos completos aleatorizados com três repetições, sendo as parcelas construídas com duas linhas de 3m de comprimento e, após desbaste, a densidade populacional foi de 55.000 plantas por hectare.

Tabela 1. Descrição dos ambientes para avaliação dos híbridos de milho.

Locais	Município	Latitude	Longitude
Área Exp. DBI/UFLA	Lavras, MG	2113'S	4458'W
Área Exp. Geneze	Guarda-Mor, MG	1734'S	4708'W
Área Exp. Bionacional	Barreiras, BA	1213'S	4500'W
Área Exp. Prezzotto	Jussara, GO	2335'S	5258'W
Fazenda Vitorinha	Lavras, MG	2113'S	4458'W
Área Exp. Coopadap	São Gotardo, MG	2113'S	4603'W
Fazenda Faepe	Ijaci, MG	2113'S	4456'W
Fazenda Faepe	Ijaci, MG	2109'S	4456'W
Fazenda Mato Dentro	Lavras, Mg	2113'S	4503'W

4.2 Métodos

O processo de inferência foi conduzido segundo a metodologia Bayesiana, em que as informações a priori para os parâmetros do modelo são combinadas com as informações dos dados experimentais e por meio do teorema de Bayes chega-se à distribuição conjunta a posteriori que contém toda informação necessária ao processo de inferência. As distribuições condicionais completas dos parâmetros são derivadas a partir da distribuição conjunta a posteriori e utilizadas para gerar amostras dos parâmetros por meio do amostrador de gibbs.

Crossa et al. (2011), Liu (2001) e Viele e Srinivasan (2000) assumiram valores para os hiperparâmetros de modo que as distribuições a priori se tornassem não informativas para os parâmetros do modelo. Para o presente trabalho, as distribuições a priori são as mesmas usadas por esses autores, porém os valores para os hiperparâmetros serão alterados para torná-las informativas, mantendo as dis-

tribuições a priori para β e para os vetores singulares como não informativas. Não é incorporado ao modelo a suposição de identificabilidade dos efeitos principais. No processo de amostragem Gibbs são usadas transformações lineares ortogonais de forma a garantir a restrição atribuída aos vetores singulares α_k e γ_k .

O modelo AMMI adotado na forma matricial é:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}\delta + \sum_{k=1}^t \lambda_k \text{diag}(\mathbf{Z}\alpha_k)\mathbf{X}\gamma_k + \epsilon \quad (13)$$

sendo que:

\mathbf{y} é o vetor de observações;

β é o vetor de efeitos ambientais (locais e blocos);

δ é o vetor de efeitos genotípicos;

\mathbf{X} é uma matriz delineamento associado à β ;

\mathbf{Z} é uma matriz delineamento associado à δ ;

λ_k é o k -ésimo valor singular;

α_k é o k -ésimo vetor singular referente ao genótipo;

γ_k é o k -ésimo vetor singular referente ao ambiente;

ϵ é o vetor de erros.

A distribuição de \mathbf{y} dado o vetor de parâmetros θ é:

$$\mathbf{y}|\theta \sim N(\theta, \mathbf{I}_n\sigma_e^2)$$

sendo $\theta = (\beta, \delta, \alpha, \gamma, \lambda, \sigma_e^2, \sigma_\delta^2 \text{ e } \sigma_{\lambda_k}^2)$.

Em que σ_e^2 é a variância do experimento, σ_δ^2 é a variância genotípica e $\sigma_{\lambda_k}^2$ é a variância associada à λ_k .

A função de verossimilhança é dada pela seguinte expressão:

$$L(\theta|\mathbf{y}) = (2\pi|\mathbf{I}\sigma_e^2|)^{-\frac{n}{2}} \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_e^2} (\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta - \mathbf{Z}\delta - \Theta)' (\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta - \mathbf{Z}\delta - \Theta)\right\} \quad (14)$$

em que $\Theta = \sum_{k=1}^t \lambda_k \text{diag}(\mathbf{Z}\alpha_k)\mathbf{X}\gamma_k$.

4.3 Distribuições a priori

Uma distribuição a priori é usada para representar o conhecimento prévio acerca do parâmetro de interesse e esse conhecimento é “traduzido” por meio de uma distribuição de probabilidade. Essa priori pode ser informativa ou não informativa, dependendo dos valores atribuídos aos hiperparâmetros. Para o vetor de

parâmetros $\hat{\beta}$, foi atribuída uma priori normal multivariada, com variância infinita e, como consequência, tem-se que essa priori é não informativa “constante”. As prioris atribuídas σ_e^2 e σ_δ^2 são qui-quadrado escaladas invertidas de modo que pequenos valores para o hiperparâmetro ν (graus de liberdade) e grandes valores s^2 (parâmetro de escala) implicam em priori não informativa. Para os $\sigma_{\lambda_k}^2$ para $k = (1, 2, \dots, 8)$ são atribuídas prioris gama invertidas em que as informações também são incorporadas pela especificação dos hiperparâmetros.

Para os efeitos de genótipo e valores singulares foram atribuídas distribuições, normal multivariada para genótipo e normal truncada para cada λ_k . Estas prioris são informativas e, devido ao fato de se admitir prioris não informativas para as respectivas variâncias destes parâmetros, os mesmos serão estimados com incerteza referente aos dados, determinada pela função de verossimilhança. Por fim, as densidades a priori para os vetores singulares são distribuições esféricas uniformes, um caso especial da distribuição Von Mises Fisher (MARDIA; KENT; BIBBY, 1979). Contudo, como o suporte para a posteriori conjunta em relação a estes parâmetros não é trivial, a amostragem é realizada no espaço corrigido e o vetor é devolvido ao espaço correto por meio de transformação linear ortogonal, como mencionado por Viele e Srinivasan (2000).

Desta forma, tem-se que as distribuições prioris:

$$\beta \sim N(\mu_\beta, \sigma_\beta^2) \sigma_\beta^2 \rightarrow \infty \beta \sim K \text{ (constante)}$$

$$\delta | \mu_\delta, \sigma_\delta^2 \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_\delta^2)$$

$$\lambda_k | \mu_{\lambda_k}, \sigma_{\lambda_k}^2 \sim N^+(0, \sigma_{\lambda_k}^2)$$

$$\alpha_k \sim \text{Distribuição uniforme esférica no subespaço correto (SUNI}_d)$$

$$\gamma_k \sim \text{Distribuição uniforme esférica no subespaço correto (SUNI}_d)$$

$$\sigma_\delta^2 \sim \text{Inv - escalada} - \chi^2(\nu_\delta, S_\delta^2) \longrightarrow \frac{1}{\sigma_\delta^2}$$

$$\sigma_e^2 \sim \text{Inv - escalada} - \chi^2(\nu_e, S_e^2) \longrightarrow \frac{1}{\sigma_e^2}$$

$$\sigma_{\lambda_k}^2 \sim \text{Inv - Gamma}(a, b)$$

4.4 Distribuição a posteriori

A distribuição a posteriori $P(\theta | \mathbf{y})$ é definida como sendo a relação entre a verossimilhança $L(\theta | \mathbf{y})$ do modelo dado e as prioris dos parâmetros $P(\theta)$:

Sendo assim, tem-se que a distribuição a posteriori do modelo AMMI é:

$$P(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y}) \propto L(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y})P(\boldsymbol{\beta})P(\boldsymbol{\delta}) \prod_k^t \{P(\lambda_k)P(\boldsymbol{\alpha}_k)P(\boldsymbol{\gamma}_k)\} P(\sigma_\lambda^2)P(\sigma_\delta^2)P(\sigma_e^2) \quad (15)$$

4.5 Distribuições condicionais a posteriori

Integrando a distribuição a posteriori em relação a cada um dos parâmetros do modelo, obtém-se as distribuições marginais e, assim, pode-se realizar inferência sobre os parâmetros. Em alguns casos, não é possível obter a distribuição marginal analiticamente e, então, recorre-se a métodos iterativos de aproximação, tais como os métodos MCMC juntamente com distribuições condicionais completas a posteriori.

Distribuição condicional $\boldsymbol{\beta}$... dados os demais parâmetros.

$$\begin{aligned} P(\boldsymbol{\beta}|\dots) &\propto \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_e^2}(\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})'(\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})\right\} P(\boldsymbol{\beta}) \\ P(\boldsymbol{\beta}|\dots) &\propto \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_e^2}[\mathbf{A} - (\mathbf{X}'\mathbf{X})\mathbf{X}'\boldsymbol{\beta}]'(\mathbf{X}'\mathbf{X})[\mathbf{A} - (\mathbf{X}'\mathbf{X})\mathbf{X}'\boldsymbol{\beta}]\right\} \\ \boldsymbol{\beta}|\dots &\sim N\left[(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{A}, (\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\sigma_e^2\right] \end{aligned} \quad (16)$$

sendo:

$$\mathbf{A} = \mathbf{y} - \mathbf{Z}\boldsymbol{\delta} - \boldsymbol{\Theta}.$$

Distribuição condicional $\boldsymbol{\delta}$... dados os demais parâmetros.

$$\begin{aligned} P(\boldsymbol{\delta}|\dots) &\propto \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_e^2}(\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})'(\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})\right\} P(\boldsymbol{\delta}) \\ P(\boldsymbol{\delta}|\dots) &\propto \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_e^2}\left[\boldsymbol{\delta} - \left(\mathbf{Z}'\mathbf{Z}\mathbf{I}\frac{\sigma_e^2}{\sigma_\delta^2}\right)\mathbf{Z}'\mathbf{B}\right]' \left(\mathbf{Z}'\mathbf{Z}\mathbf{I}\frac{\sigma_e^2}{\sigma_\delta^2}\mathbf{Z}'\mathbf{B}\right)\right. \\ &\quad \left. \left[\boldsymbol{\delta} - \left(\mathbf{Z}'\mathbf{Z}\mathbf{I}\frac{\sigma_e^2}{\sigma_\delta^2}\right)\mathbf{Z}'\mathbf{B}\right]\right\} \end{aligned}$$

$$\boldsymbol{\delta}|\dots \sim N \left[\left(\mathbf{Z}'\mathbf{Z} + I \frac{\sigma_e^2}{\sigma_\delta^2} \right)^{-1} \mathbf{B}, \left(\mathbf{Z}'\mathbf{Z} + I \frac{\sigma_e^2}{\sigma_\delta^2} \right)^{-1} \sigma_e^2 \right] \quad (17)$$

sendo:

$$\mathbf{B} = \mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} - \boldsymbol{\Theta}.$$

Distribuição condicional $\sigma_e^2|\dots$ dados os demais parâmetros.

$$\begin{aligned} P(\sigma_e^2|\dots) &\propto (\sigma_e^2)^{-\frac{n}{2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_e^2} (\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})' (\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta}) \right\} P(\sigma_e^2) \\ P(\sigma_e^2|\dots) &\propto (\sigma_e^2)^{-\left(\frac{n}{2}+1\right)} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_e^2} (\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})' (\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta}) \right\} \\ \sigma_e^2|\dots &\sim inv - \chi^{-2}[n, (\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})' (\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})] \end{aligned} \quad (18)$$

Distribuição condicional $\sigma_\delta^2|\dots$ dados os demais parâmetros.

$$\begin{aligned} P(\sigma_\delta^2|\dots) &\propto (\sigma_\delta^2)^{-\left(\frac{n_\delta}{2}+1\right)} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_\delta^2} (\boldsymbol{\delta}'\boldsymbol{\delta}) \right\} P(\sigma_\delta^2) \\ P(\sigma_\delta^2|\dots) &\propto (\sigma_\delta^2)^{-\left(\frac{n_\delta}{2}+1\right)} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_\delta^2} (\boldsymbol{\delta}'\boldsymbol{\delta}) \right\} \\ \sigma_\delta^2|\dots &\sim inv - \chi^{-2}[n_\delta, (\boldsymbol{\delta}'\boldsymbol{\delta})] \end{aligned} \quad (19)$$

Distribuição condicional $\sigma_{\lambda_k}^2|\dots$ dados os demais parâmetros.

$$P(\sigma_{\lambda_k}^2|\dots) \propto \prod_{k=1}^t (\sigma_{\lambda_k}^2)^{-\frac{n_{\lambda_k}}{2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_{\lambda_k}^2} (\lambda_k)' (\lambda_k) \right\} P(\sigma_{\lambda_k}^2)$$

$$\begin{aligned}
P(\sigma_{\lambda_k}^2 | \dots) &\propto (\sigma_{\lambda_k}^2)^{-\frac{1}{2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_{\lambda_k}^2} (\lambda_k)' (\lambda_k) \right\} (\sigma_{\lambda_k}^2)^{-(a-1)} \exp \left\{ -\frac{b}{\sigma_{\lambda_k}^2} \right\} \\
P(\sigma_{\lambda_k}^2 | \dots) &\propto (\sigma_{\lambda_k}^2)^{\frac{(-2a+2)-1}{2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_{\lambda_k}^2} [b + (\lambda_k)' (\lambda_k)] \right\} \\
P(\sigma_{\lambda_k}^2 | \dots) &\propto (\sigma_{\lambda_k}^2)^{-\left[\frac{(2a+1)}{2}-1\right]} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_{\lambda_k}^2} [b + (\lambda_k)' (\lambda_k)] \right\} \\
\sigma_{\lambda_k}^2 | \dots &\sim \text{inv-gama} \left(\frac{2a+1}{2}, \frac{[b + (\lambda_k)' (\lambda_k)]}{2} \right) \quad (20)
\end{aligned}$$

Distribuição condicional $\lambda_k | \dots$ dados os demais parâmetros.

$$\begin{aligned}
P(\lambda_k | \dots) &\propto \exp \left\{ \frac{1}{\sigma_e^2} (\mathbf{C} - \phi \lambda_k)' (\mathbf{C} - \phi \lambda_k) \right\} P(\lambda_k) \\
P(\lambda_k | \dots) &\propto \exp \left\{ \frac{1}{\sigma_e^2} \left[(\mathbf{C} - \phi \lambda_k)' (\mathbf{C} - \phi \lambda_k) + (\lambda_k - \mu_\lambda)' \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{\lambda_k}^2} (\lambda_k - \mu_\lambda) \right] \right\} \\
\lambda_k | \dots &\sim N^+ \left[\left(\phi' \phi + \frac{\sigma_e^2}{\sigma_\lambda^2} \right)^{-1} \phi' \mathbf{C}, \left(\phi' \phi + \frac{\sigma_e^2}{\sigma_\lambda^2} \right)^{-1} \sigma_e^2 \right] \quad (21)
\end{aligned}$$

sendo:

$$\begin{aligned}
\mathbf{C} &= \mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} - \mathbf{Z}\boldsymbol{\delta} - \mathbf{D}, \\
\phi &= \text{diag}(\mathbf{Z}\boldsymbol{\alpha}_k) \mathbf{X} \boldsymbol{\gamma}_k, \\
\mathbf{D} &= \sum_{k' \neq k}^t \lambda_{k'} \text{diag}(\mathbf{Z}\boldsymbol{\alpha}_{k'}) \mathbf{X} \boldsymbol{\gamma}_{k'}, \\
\lambda_1 &\geq \lambda_2, \dots, \lambda_t \geq 0
\end{aligned}$$

Distribuição condicional $\boldsymbol{\alpha}_k | \dots$ dados os demais parâmetros.

$$\begin{aligned}
P(\boldsymbol{\alpha}_k | \dots) &\propto \exp \left\{ \frac{1}{2\sigma_e^2} (\mathbf{E} - \mathbf{W})' (\mathbf{E} - \mathbf{W}) \right\} P(\boldsymbol{\alpha}_k) \\
P(\boldsymbol{\alpha}_k | \dots) &\propto \exp \left\{ \frac{\lambda_k}{2\sigma_e^2} [\boldsymbol{\alpha}_k' \text{diag}(\mathbf{X} \boldsymbol{\gamma}_k)' \mathbf{Z}'] (\mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} - \mathbf{Z}\boldsymbol{\delta} - \mathbf{D}) \right\}
\end{aligned}$$

$$\boldsymbol{\alpha}_k | \dots \sim VMF \left\{ \frac{\lambda_k}{2\sigma_e^2}, (\text{diag}(\mathbf{X}\boldsymbol{\gamma}_k)' \mathbf{Z}') (\mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} - \mathbf{Z}\boldsymbol{\delta} - \mathbf{D}) \right\} \quad (22)$$

sendo:

$$\mathbf{W} = \lambda_k \text{diag}(\mathbf{Z}\boldsymbol{\alpha}_k) \mathbf{X} \boldsymbol{\gamma}_k,$$

$$\mathbf{E} = \mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} - \mathbf{Z}\boldsymbol{\delta} - \mathbf{D}.$$

Distribuição condicional $\boldsymbol{\gamma}_k | \dots$ dados os demais parâmetros.

$$\begin{aligned} P(\boldsymbol{\gamma}_k | \dots) &\propto \exp \left\{ \frac{1}{2\sigma_g^2} (\mathbf{E} - \mathbf{W})' (\mathbf{E} - \mathbf{W}) \right\} P(\boldsymbol{\gamma}_k) \\ P(\boldsymbol{\gamma}_k | \dots) &\propto \exp \left\{ \frac{\lambda_k}{2\sigma_g^2} [\boldsymbol{\gamma}_k' \text{diag}(\mathbf{Z}\boldsymbol{\alpha}_k)' \mathbf{X}'] (\mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} - \mathbf{Z}\boldsymbol{\delta} - \mathbf{D}) \right\} \\ \boldsymbol{\gamma}_k | \dots &\sim VMF \left\{ \frac{\lambda_k}{2\sigma_g^2}, [\text{diag} \mathbf{Z}(\boldsymbol{\alpha}_k)' \mathbf{X}'] (\mathbf{y} - \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} - \mathbf{Z}\boldsymbol{\delta} - \mathbf{D}) \right\} \end{aligned} \quad (23)$$

4.6 Ajuste do modelo AMMI Bayesiano *Shrinkage* (AMMIBS)

Nesta seção será demonstrado que, ao utilizar um modelo AMMI dentro do contexto bayesiano, obtém-se um efeito semelhante ao estimador *shrinkage* proposto por Cornelius e Crossa (1999) para o parâmetro de escala λ_k e que este encolhimento é mais acentuado quando o efeito $\sigma_{\lambda_k}^2$ é incorporado como parâmetro a ser estimado, sendo a modelagem desse efeito incluída na priori conjunta.

Para o ajuste do modelo, considera-se a distribuição a posteriori completa para λ_k , como calculada anteriormente.

$$P(\lambda_k | \dots) \propto \exp \left\{ \left[\lambda_k - \left(\phi' \phi + \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{\lambda_k}^2} \right)^{-1} \phi' \mathbf{C} \right]' \left(\phi' \phi + \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{\lambda_k}^2} \right)^{-1} \sigma_e^2 \right. \\ \left. \left[\lambda_k - \left(\phi' \phi + \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{\lambda_k}^2} \right)^{-1} \phi' \mathbf{C} \right] \right\}$$

Como pode-se observar, λ_k segue uma distribuição normal multivariada com média igual a:

$$\left(\phi' \phi + \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{\lambda_k}^2} \right)^{-1} \phi' \mathbf{C}$$

Observando que $\phi' \phi$ é um escalar.

$$\begin{aligned} & \left(\frac{\sigma_{\lambda_k}^2}{\sigma_e^2 + \phi' \phi \sigma_{\lambda_k}^2} \right) \phi' \mathbf{C} \\ & \left(\frac{\sigma_{\lambda_k}^2}{(\sigma_e^2 + \phi' \phi \sigma_{\lambda_k}^2)} \frac{\phi' \phi}{\phi' \phi} \right) \phi' \mathbf{C} \\ & \left(\frac{\phi' \phi \sigma_{\lambda_k}^2 + \sigma_e^2 - \sigma_e^2}{(\sigma_e^2 + \phi' \phi \sigma_{\lambda_k}^2) \phi' \phi} \right) \phi' \mathbf{C} \\ & \left(\frac{\phi' \phi \sigma_{\lambda_k}^2 + \sigma_e^2}{(\sigma_e^2 + \phi' \phi \sigma_{\lambda_k}^2)} - \frac{\sigma_e^2}{(\sigma_e^2 + \phi' \phi \sigma_{\lambda_k}^2)} \right) \frac{\phi' \mathbf{C}}{\phi' \phi} \\ & \left(1 - \frac{\sigma_e^2}{\sigma_e^2 + \phi' \phi \sigma_{\lambda_k}^2} \right) \frac{\phi' \mathbf{C}}{\phi' \phi} \end{aligned} \quad (24)$$

Nesta expressão

$$F^{-1} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_e^2 + \phi' \phi \sigma_{\lambda_k}^2}$$

em que F^{-1} é o fator de encolhimento, que mede a importância do termo multiplicativo para o modelo.

É possível perceber a semelhança entre a expressão

$$\left(1 - \frac{\sigma_e^2}{\sigma_e^2 + \phi' \phi \sigma_{\lambda_k}^2} \right)$$

e o fator *shrinkage* proposto por Cornelius e Crossa (1999)

$$S_k = \frac{-u_k \sigma^2 / n + E[\hat{\lambda}_k^2]}{E[\hat{\lambda}_k^2]} = 1 - \frac{u_k \sigma^2}{n E[\hat{\lambda}_k^2]}$$

Ambas as expressões equivalem a um teste de análise de variância (teste F) para os valores singulares. Contudo, o método proposto por Cornelius e Crossa (1999) utiliza um efeito de encolhimento em um modelo de efeitos fixos e o mé-

todo aqui proposto é uma justificativa bayesiana para este procedimento. O método bayesiano, por outro lado, considera os parâmetros como variáveis aleatórias e oferece facilidade para lidar com conjuntos de dados desbalanceados e heterogeneidade de variâncias, as quais acarretariam grandes problemas para o procedimento de AMMI convencional. Além disso, assumindo variância específica para os valores singulares, nota-se que o efeito *shrinkage* surge naturalmente para o estimador bayesiano.

4.7 Estimativas pontuais e intervalares

As estimativas para os parâmetros lineares e para λ_k foram obtidas através das médias marginais a posteriori das observações geradas pelo método MCMC (Amostrador de Gibbs). Desta forma foi usado o método exposto por Liu (2001) de maneira a manter a repetição imposta aos autovetores para suas estimativas médias. Os intervalos de credibilidades univariados para os parâmetros, serão os de maior densidade a posteriori (HPD), segundo Chen e Shao (1999) que está implementado no software R CORE TEAM (2013).

4.8 Regiões de credibilidade para escores da interação *GE*

Encontrar regiões de credibilidade para uma distribuição multivariada não é algo trivial quando a distribuição não tem uma forma clara. O método descrito abaixo foi utilizado para construir as regiões de credibilidade para a representação biplot AMMI1 e baseia-se nas distâncias euclidianas dos pontos em relação ao centro das distribuições bivariadas (OOMS, 2009).

1. Normalizar as variáveis aleatórias que compõem as distribuições de probabilidade bivariadas;

$$V_{n1} = \frac{(V_{oi} - M_o)^2}{\sigma_o}$$

2. Considerar as distâncias euclidianas dos pontos obtidos em (1) em relação ao centro da distribuição;

$$d = (V_{n1})^2 + (V_{n2})^2$$

3. Calcular o percentil 95 destas distâncias (d) e retirar todos os pontos cuja distância ao centro seja maior que d . Com este processo obtém-se um círculo com raio d .

4. Através da transformação inversa ao item (1) devolvem-se as variáveis aleatórias à distribuição de origem e, assim, obtém-se uma elipse de 95% de credibilidade.

em que:

V_{oi} representa i -ésima observação da amostra V_o ;

M_o é a média da amostra V_o ;

V_{n1} e V_{n2} representam as variáveis padronizadas.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nesta seção, serão apresentados os principais resultados obtidos com a aplicação do modelo AMMI Bayesiano Shrinkage (AMMIBS) e, também, as estimativas dos valores singulares para o modelo AMMI de efeito fixo, modelo AMMI de efeito misto e abordagem AMMI Bayesiano (AMMIB), que não considera as variâncias dos valores singulares como variáveis aleatórias. Uma das principais diferenças da abordagem aqui proposta em relação aos métodos apresentados na literatura, está no confundimento do efeito de blocos com ambientes. Como a média, para esta abordagem, não é estimada separadamente do efeito de ambiente, não é necessário assumir restrições de identificabilidade, ou seja, de que os efeitos de linhas e colunas somam zero.

5.1 Amostras MCMC e convergência

As cadeias de Markov para os parâmetros foram simuladas com 188 mil iterações. Optou-se por utilizar apenas oito componentes multiplicativos no processo iterativo (amostrador de Gibbs) de forma que o último vetor singular para ambientes foi amostrado na circunferência unitária para tornar o algoritmo mais estável. Caso fossem considerados os nove vetores, o último vetor teria liberdade apenas para mudar de sinal, já que seria amostrado na reta e ter-se-iam apenas dois vetores com norma unitária.

Após a simulação das cadeias de Markov, efetuou-se o descarte das 8 mil primeiras iterações para eliminar os efeitos iniciais referentes ao período de “aquecimento” das cadeias. Além disso, os dados foram salvos realizando-se saltos a cada 20 observações de forma a se obter uma amostra aproximadamente não correlacionada da cadeia de cada parâmetro.

A análise de convergência, realizada pelo critério de Raftery e Lewis (1992), apontou boas propriedades de convergência, com fator de dependência menor que cinco para todos os parâmetros. As Figuras 1 e 2 corroboram os resultados do teste de convergência das cadeias, já que os traços descreveram uma amplitude de valores em torno da média, indicando que as cadeias convergiram para cada parâmetro.

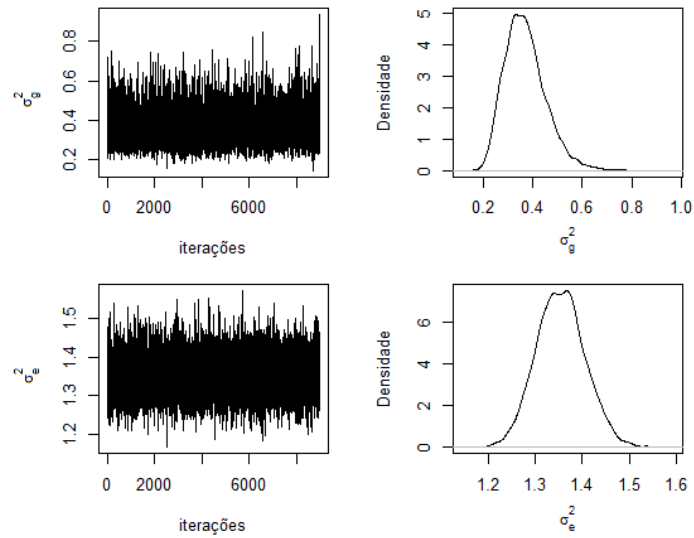


Figura 1 Observações geradas pelo método MCMC (Gibbs) e densidade marginal a posteriori para as componentes de variância σ_g^2 e σ_e^2 .

Na Figura 2 são apresentados os traços e as densidades a posteriori para as estimativas das componentes de variância dos dois primeiros valores singulares. Como pode ser observado, a variância relacionada ao λ_2 convergiu para valores próximos a zero, assim como as demais componentes λ_k , para $k \geq 2$.

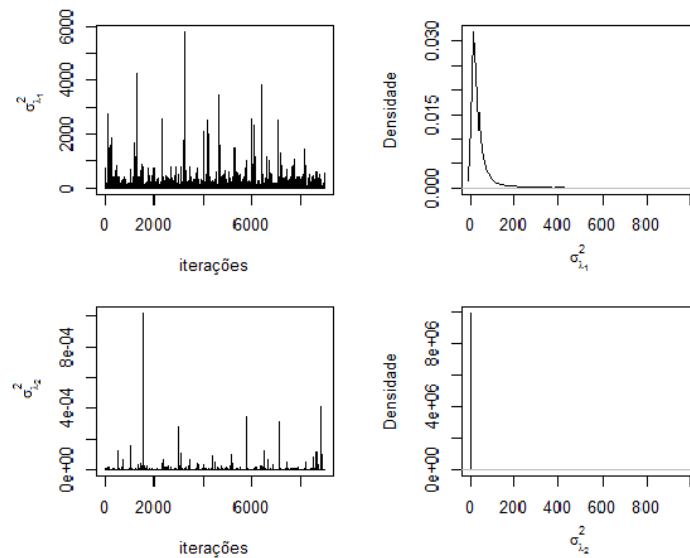


Figura 2 Observações geradas pelo método MCMC (Gibbs) e densidade marginal a posteriori para as componentes de variância $\sigma_{\lambda_1}^2$ e $\sigma_{\lambda_2}^2$.

5.2 Estimativas pontuais e intervalares para os parâmetros lineares

As estimativas para os efeitos principais de genótipos, valores singulares e componentes da variância foram obtidas pelas médias referentes às amostras das cadeias MCMC. As médias e os intervalos HPD, ao nível de 95% de credibilidade, para efeitos principais de genótipos estão representados na Figura 3, em ordem crescente de magnitude, e as estimativas pontuais juntamente com as regiões de credibilidade HPD encontram-se no Apêndice na Tabela 5.

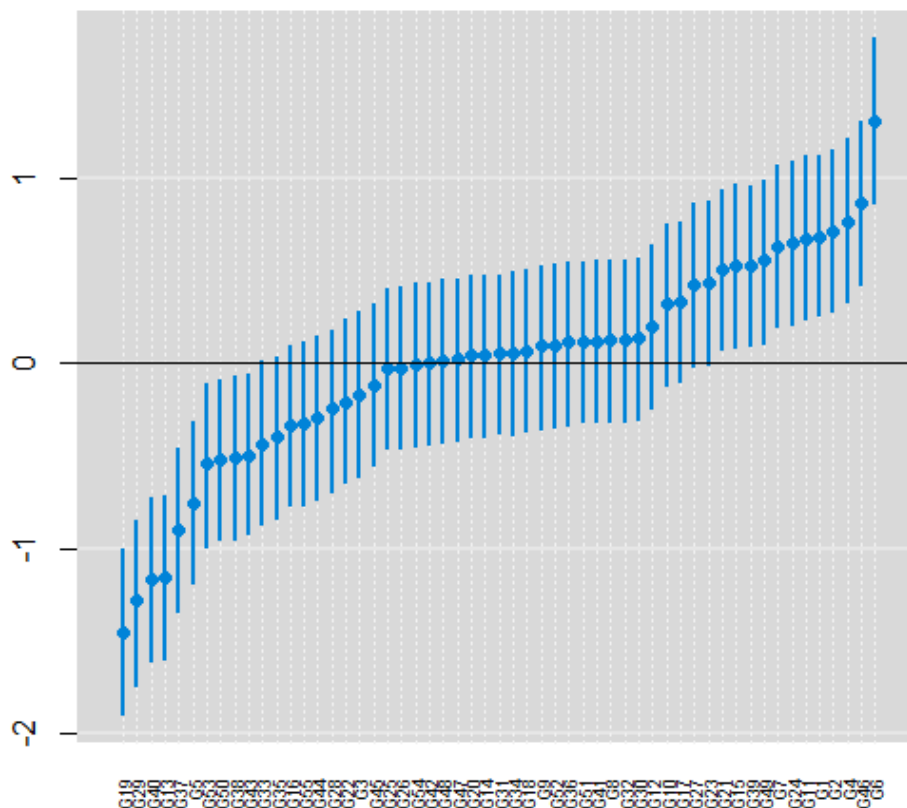


Figura 3 Médias a posteriori e regiões HPD com 95% de credibilidade para efeito de genótipo.

Regiões de credibilidade sobrepostas indicam que os genótipos possuem efeitos semelhantes. Contudo, é possível observar a formação de três grupos: genótipos que possuem valores positivos, genótipos cujos valores para os efeitos são negativos e genótipos que incluem o valor zero na região de credibilidade. A avaliação, obviamente, depende dos objetivos dos pesquisadores; entretanto, genótipos com valores negativos geralmente não tem interesse em termos de seleção e recomendação.

Os genótipos que obtiveram valores diferentes de zero para efeito genotípico podem ser facilmente identificados na Figura 4.

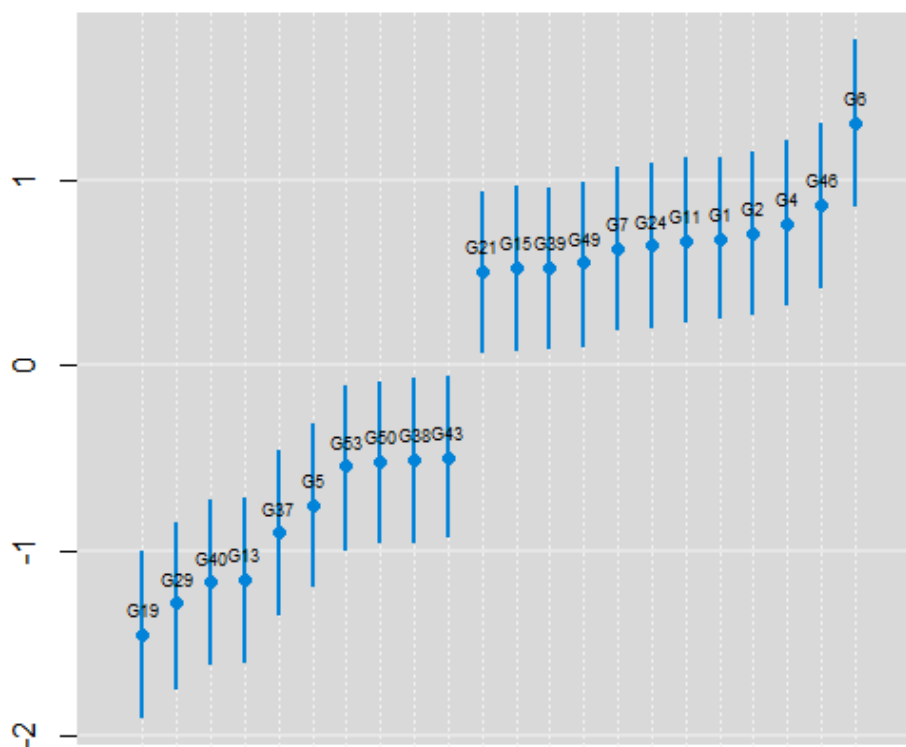


Figura 4 Região de credibilidade 95% (IC) para BLUPs genotípicos e o primeiro escore genotípico, cujas regiões de credibilidade não incluem o zero.

Na Tabela 1 são apresentadas as estimativas das componentes σ_e^2 e σ_g^2 e das componentes de variância $\sigma_{\lambda_k}^2$, que são responsáveis pelo efeito ou não de encolhimento relacionado aos valores singulares do modelo AMMIBS.

Tabela 1 Estimativas médias a posteriori e regiões de credibilidade 95% (IC) para as componentes da variância do modelo.

Parâmetro	Média	Regiões HPD à 95%	
		LI	LS
σ_g^2	0,3695	0,2216	0,5341
σ_e^2	1,3540	1,2507	1,4535
$\sigma_{\lambda_1}^2$	52,4357	2,0503	163,2968
$\sigma_{\lambda_2}^2$	0	0	0

Pode-se constatar na Tabela 1 que os valores das variâncias associadas aos valores singulares, a partir do segundo, são muito pequenos (próximos a zero). Como visto na seção Métodos, subseção (4.6), a expressão (24) se assemelha a um teste F ; sendo assim, se a razão entre as variâncias aproxima-se de zero, o valor singular não teria efeito significativo para interação GE . No amostrador de Gibbs, este fato implica que a amostragem para as coordenadas dos valores singulares associados aos λ_k ($k \geq 2$) seria realizada por meio de funções aproximadamente uniforme esférica. A densidade esférica uniforme é um caso particular da *Von Mises - Fisher* (parâmetro de concentração igual a zero) como, destacam Mardia, Kent e Bibby (1979).

5.3 Estimativas pontuais e intervalares para os parâmetros bilineares

As Figuras 5 e 6 representam os traços e as densidades a posteriori dos vetores singulares para α_{11} , α_{12} , γ_{11} e γ_{12} . Observando estes gráficos, é possível constatar maior variabilidade em relação às estimativas das coordenadas dos segundos vetores singulares, genotípicos e ambientais, quando comparadas com as respectivas coordenadas dos primeiros vetores singulares. Este fato é constatado, também, em relação aos demais vetores, já que o parâmetro de concentração para as distribuições *Von Mises Fisher* são maiores em relação aos primeiros eixos, indicando que uma maior concentração de pontos é esperada ao redor da média direcional.

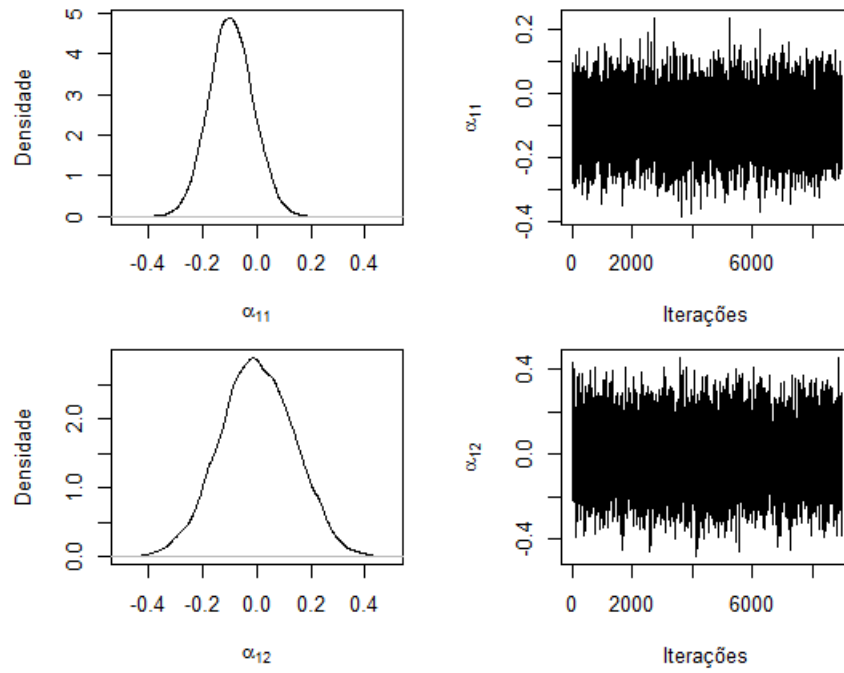


Figura 5 Densidades marginais a posteriori e traços para α_{11} e α_{12}

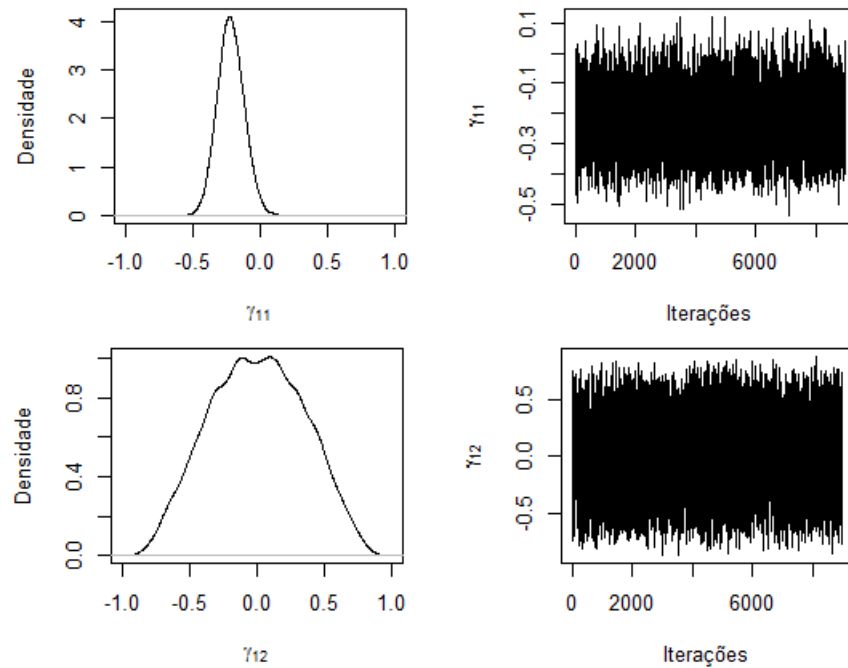


Figura 6 Densidades marginais a posteriori e traços para γ_{11} e γ_{12}

Os parâmetros de escala λ_k foram estimados pela média a posteriori com relação às observações obtidas pelas cadeias de Markov. As Figuras 7 e 8 apresentam os histogramas das distribuições a posteriori dos valores singulares. A partir desses histogramas é possível perceber o rápido encolhimento das estimativas a posteriori em direção ao valor zero, a partir do segundo valor singular. O efeito de encolhimento (*shrinkage*) é algo natural aos modelos que tratam seus parâmetros como variáveis aleatórias, como destacam Resende (2007) e Smith, Cullis e Gilmour (2001).

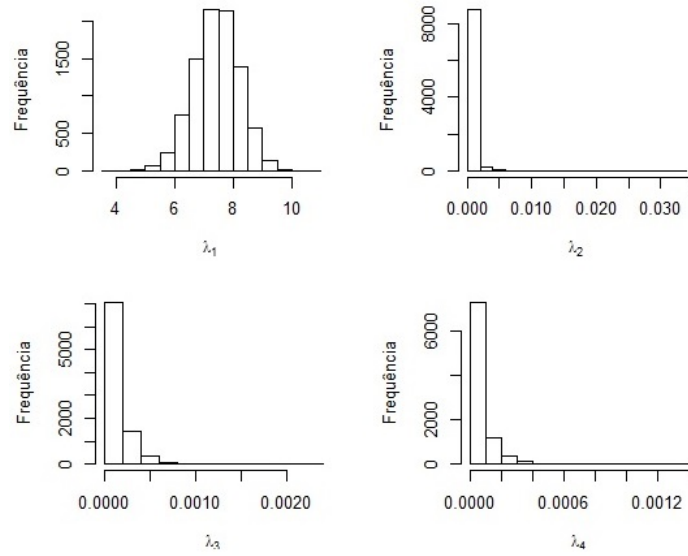


Figura 7 Histogramas das densidades marginais a posteriori para λ_1 , λ_2 , λ_3 e λ_4 .

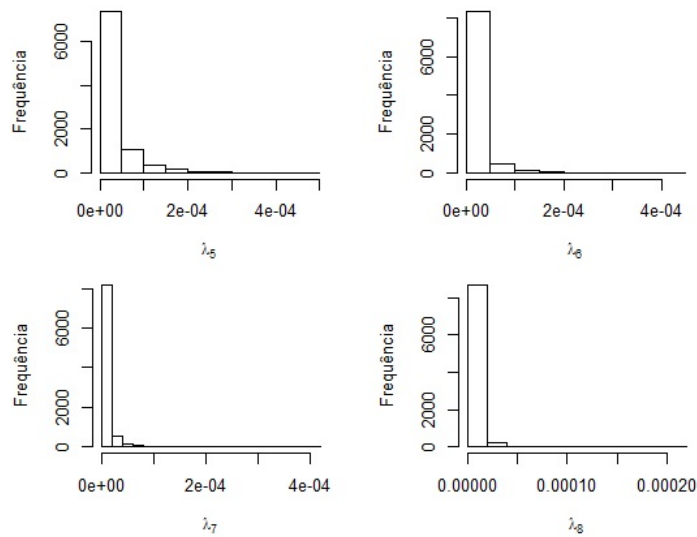


Figura 8 Histogramas das densidades marginais a posteriori para λ_5 , λ_6 , λ_7 e λ_8 .

Na Tabela 2 apresentam-se as estimativas pontuais e intervalares para do modelo AMMIBS, que é resultado de assumir que as componentes de variância associadas a cada valor singular são uma variável aleatória.

Tabela 2 Estimativas médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (IC 95%) para os valores singulares λ_k do modelo AMMI Bayesiano Shrinkage (AMMIBS).

Parâmetro	Média	DP	Regiões HPD à 95%	
			LI	LS
λ_1	7,4375	0,7768	5,9540	8,9715
λ_2	0,0004	0,0009	0	0,0013
λ_3	0,0001	0,0001	0	0,0004
λ_4	0	0	0	0

Na Tabela 3 são apresentadas as médias a posteriori dos valores singulares do modelo AMMI bayesiano (AMMIB), as estimativas *BLUPs*, as estimativas de quadrados mínimos (OLS) e as estimativas *shrinkage* (Shrink.) propostas por Cornelius e Crossa (1999).

Tabela 3 Estimativa da média para os modelos: AMMI Bayesiano (AMMIB), BLUPs, estimativas de mínimos quadrados (OLS) e estimativa *shrinkage*.

Parâmetro	AMMIB	BLUPs	OLS	Shrink.
λ_1	7,9022	7,0274	9,5593*+	6,6518
λ_2	5,9780	5,8867	7,5807*+	6,4422
λ_3	4,6053	5,2784	6,1559+	6,4422
λ_4	2,2678	4,3090	6,0070+	6,4422
λ_5	1,0579	4,1613	5,6744+	2,7826
λ_6	0,4776	3,8573	3,9199	0
λ_7	0,2134	2,7660	3,3063	0
λ_8	0,1087	2,3792	0,0000	0

* significativo pelo teste F de Cornelius; + significativo pelo teste F de Gollob, ao nível de 0,05 de significância.

A partir das informações contidas nas Tabelas 2 e 3, é possível notar que, mesmo utilizando o modelo AMMIB, as estimativas de λ_k são encolhidas em relação às soluções por OLS. Observou-se, ainda, que estas estimativas também são

encolhidas quando comparadas aos Blups, a partir do quarto valor singular. Contudo, as estimativas do modelo AMMIBS têm encolhimento acentuado após o primeiro valor singular, sendo que as estimativas dos λ_k , para $k > 1$, se aproximam de zero e, assim, é similar ao estimador *shrinkage*, indicando que apenas um termo bilinear explica o padrão da interação *GE*, ou seja, o modelo correto seria o AMMI1.

Para as estimativas *shrinkage* propostas por Cornelius e Crossa (1999), obteve-se maior encolhimento para a estimativa de λ_1 em comparação com as estimativas pontuais dos demais métodos. Entretanto, devido à violação da restrição imposta aos valores singulares para λ_2, λ_3 e λ_4 , suas estimativas são resultados de estimativas combinadas entre as que violaram a restrição. Como proposto por Cornelius e Crossa (1999) os valores singulares que obtiveram estimativas zero são retirados do modelo, resultando, assim, no modelo AMMI5.

Ao utilizar o teste F de Gollob, obteve-se o mesmo resultado apresentado pelo estimador *shrinkage* para efeitos fixos e pelo modelo AMMIB. Já com o teste F de Cornelius, foi possível obter um modelo mais parcimonioso, retendo apenas os três primeiros termos multiplicativos. Contudo, observa-se que esse número de componentes bilineares, ainda, foi superior ao retido pelo modelo AMMIBS (AMMI1). Outra crítica a ser feita está relacionada ao fato de métodos convencionais de ajustes utilizarem testes aproximados, já que a distribuição dos valores singulares não são qui-quadrados, o que representa mais uma vantagem da abordagem bayesiana.

Além dos métodos citados acima foi usado, ainda, um procedimento de validação cruzada baseado no *leave-one-out* apresentado por Dias e Krzanowski (2003).

Teste *leave-one-out* para os valores singulares λ_k

m	PRESS	W	PRECORR
1	0,5391	0,4256	0,9612
2	0,5207	0,2485	0,9627
3	0,5444	-0,2731	0,9610
4	0,5130	0,3348	0,9635
5	0,4410	0,7558	0,9687
6	0,4248	0,1439	0,9698
7	0,4224	0,0163	0,9700
8	0,4224	0	0,9700

O critério *leave-one-out* também foi usado para avaliar se os componentes da interação *GE* têm ou não efeito significativo e essa verificação foi realizada com base na estatística *W*. Por meio dela, verificou-se que não haveria necessidade de incorporar nenhum termo multiplicativo ao modelo. Uma possível explicação para este fato seria estar diante de uma interação específica entre genótipo e ambiente, pois como apresentado na Figura 14 (Apêndice) há presença de interação do tipo complexa. Desta forma, a não constatação de termos significativos pelo critério *leave-one-out* pode estar ligada ao fato da interação *GE* representar baixa proporção do total da soma de quadrados que corresponde a 8% do total.

5.3.1 Incertezas sobre os escores genotípicos e ambientais

Após obter as médias marginais a posteriori para as coordenadas dos vetores singulares, realizou-se a correção proposta por Liu (2001) de forma que as estimativas satisfizessem as restrições de ortonormalidade do modelo. Por outro lado, verificou-se que a matriz de médias a posteriori para as coordenadas dos vetores singulares não satisfazem as restrições.

Se tivessem sido obtidos dois ou mais valores singulares significativos, poder-se-ia plotar regiões de credibilidade bivariadas para analisar adaptabilidade e estabilidade de genótipos e ambientes relativas à interação *GE*. Contudo, como foi observado, devido ao efeito *shrinkage*, obteve-se apenas um termo bilinear no modelo, sendo ainda possível analisar adaptabilidade e estabilidade. Para tanto, consideram-se as variáveis $\sqrt{(\lambda_1)\alpha_{i1}}$ e $\sqrt{(\lambda_1)\gamma_{j1}}$.

As distribuições para essas variáveis são obtidas como funções dos parâmetros bilineares das cadeias de Markov. Na Figura 9 são apresentadas as densidades a posteriori para as primeiras coordenadas $\sqrt{(\lambda_1)\alpha_{i1}}$ e $\sqrt{(\lambda_1)\gamma_{j1}}$. Como se pode observar, as respectivas densidades são curvas simétricas em forma de sino e sugerem que os escores possuem distribuições normais.

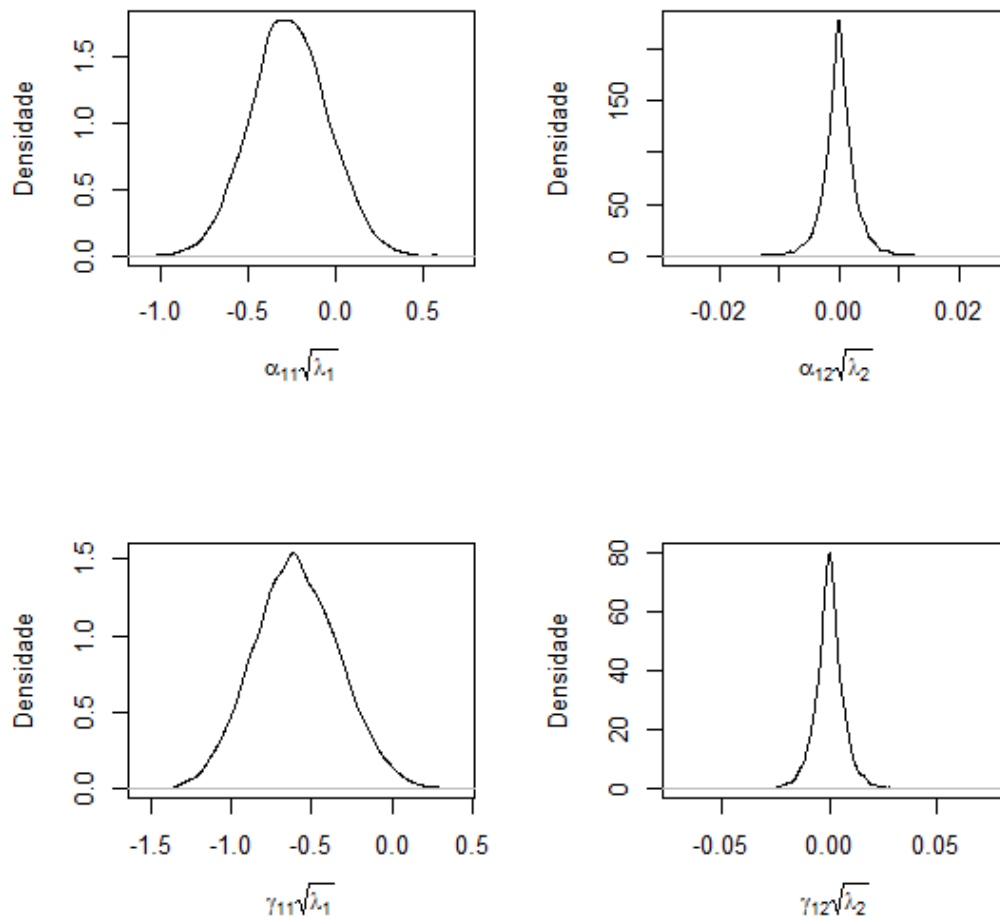


Figura 9 Densidades marginais a posteriori dos dois primeiros escores genotípicos e ambientais.

Na Figura 10 é possível visualizar a média e a região HPD de cada escore relacionado ao primeiro IPCA genotípico. Os genótipos cujas regiões de credibilidade englobam o valor zero, a 95% de credibilidade, são considerados estáveis, ou seja, não possuem contribuição significativa para interação *GE*.

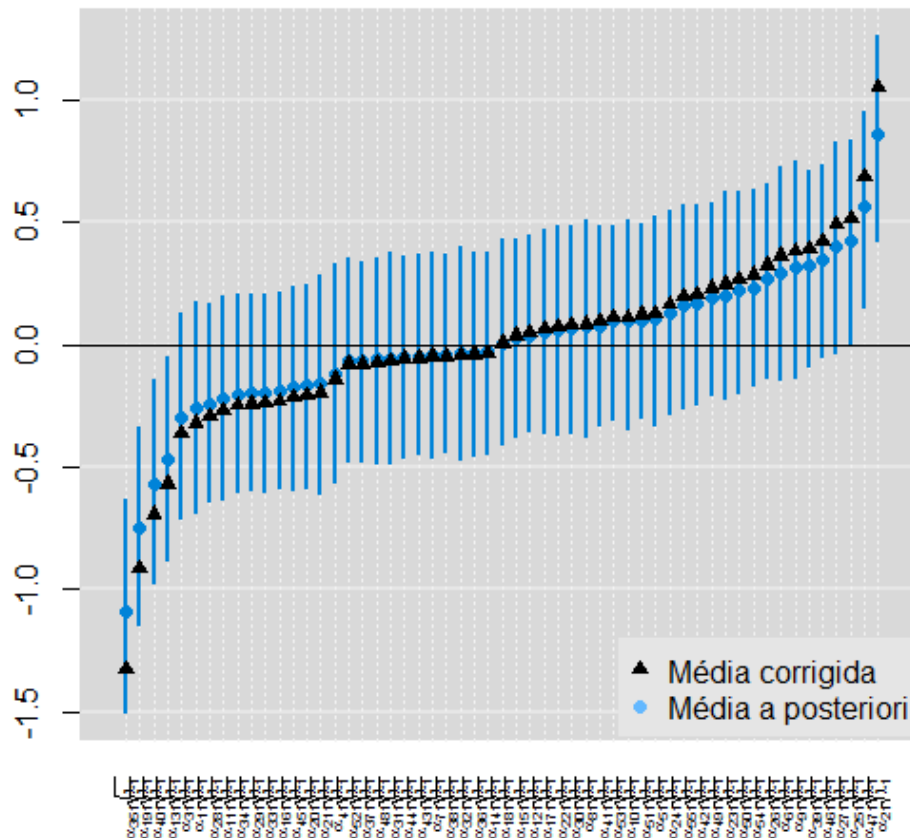


Figura 10 Médias a posteriori e regiões de credibilidade 95% (IC) para o primeiro escore genotípico.

Os demais genótipos são significativamente diferentes de zero. Destes, pode-se destacar o grupo homogêneo (sobreposições de intervalos) formado por aqueles que são significativamente maiores que zero, G_{25} , G_{47} e G_2 ; outro grupo homogêneo pode ser formado pelos genótipos G_{35} , G_{19} , G_{40} e G_{13} com valores para os escores significativamente menores que zero.

De forma semelhante, pode-se identificar grupos de ambientes homogêneos olhando para as distribuições dos escores ambientais (Figura 11). Observa-se que o grupo de ambientes formados por A_5 e A_6 possuem regiões de credibilidade compreendendo apenas valores positivos e, devido à sobreposição dos intervalos, estes ambientes podem ser considerados homogêneos (semelhantes). Os ambientes A_7 , A_2 , A_1 e A_9 formam outro grupo homogêneo com escores ambientais significativamente menores que zero. Por fim, o grupo formado por A_4 , A_8 e A_3 é considerado estável, já que as regiões de credibilidade para os respectivos escores

compreendem o valor zero, a 95% de credibilidade.

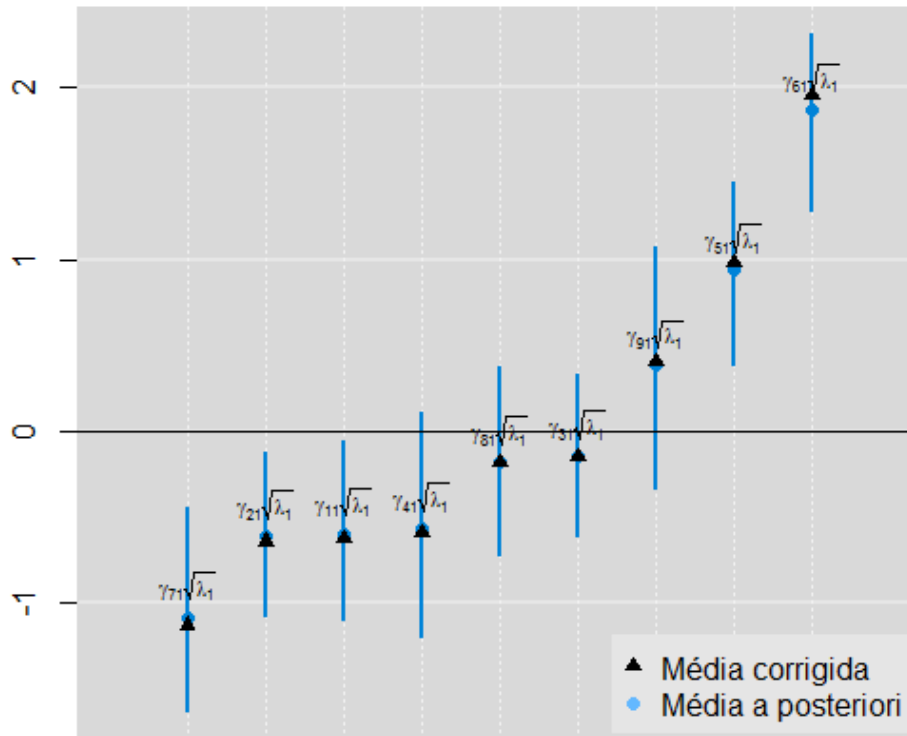


Figura 11 Médias a posteriori e regiões de credibilidade 95% (IC) para o primeiro escore ambiental.

Para estudo de estabilidade, pode-se usar o biplot com os efeitos de genótipos e os escores genotípicos que representam o gráfico AMMI1, conforme apresentado na Figura 12.

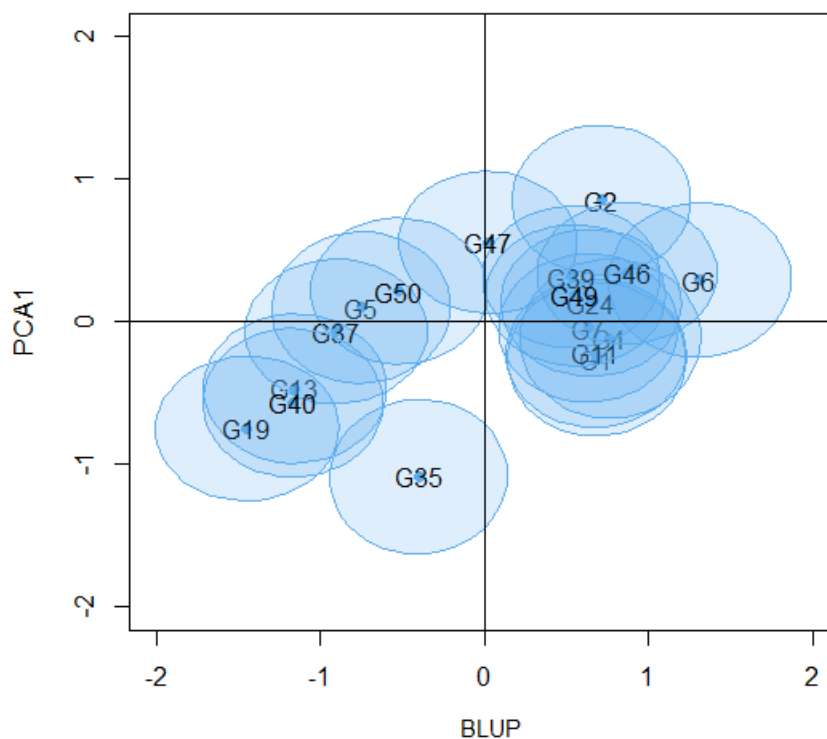


Figura 12 Região de credibilidade bivariada (95%) entre os BLUPs genotípico e o primeiro escore genotípico, cujos efeitos diferem de zero.

Para interpretar esta representação, é necessário olhar se as regiões de credibilidade bivariadas incluem a origem (0, 0), o que constitui evidência suficiente para considerar os respectivos genótipos como não tendo efeitos diferentes de zero, bem como não contribuindo para a interação GE . Para evitar confusão em relação à interpretação, somente as regiões de credibilidade que não incluem a origem, a 95% de credibilidade, estão representadas no gráfico.

Como é possível observar, os genótipos G_{15} , G_{21} , G_{39} , G_{49} , G_{24} , G_{11} , G_1 , G_4 , G_{46} , G_2 e G_6 são os mais produtivos e estáveis, já que as regiões cortam o eixo dos BLUPs e estão todos à direita do eixo dos escores genotípicos. Apesar das sobreposições entre as elipses, o genótipo G_6 mostra ter média expressivamente maior em relação aos demais genótipos do grupo anteriormente destacado, que apresentam médias mais próximas.

Na Figura 13 estão representados os genótipos que contribuem significativamente com a interação GE . O genótipo G_2 possui média interessante, maior do que a média populacional mas, como pode ser observado, contribui com a interação genótipo e ambiente. De forma semelhante, o genótipo G_{47} que não possui

efeito significativo também contribui com a interação e, devido as sobreposições entre as regiões de credibilidade, estes genótipos formam um grupo com características semelhantes em relação ao efeito da interação. É possível, ainda, observar o grupo homogêneo formado pelos genótipos G_{19} e G_{40} .

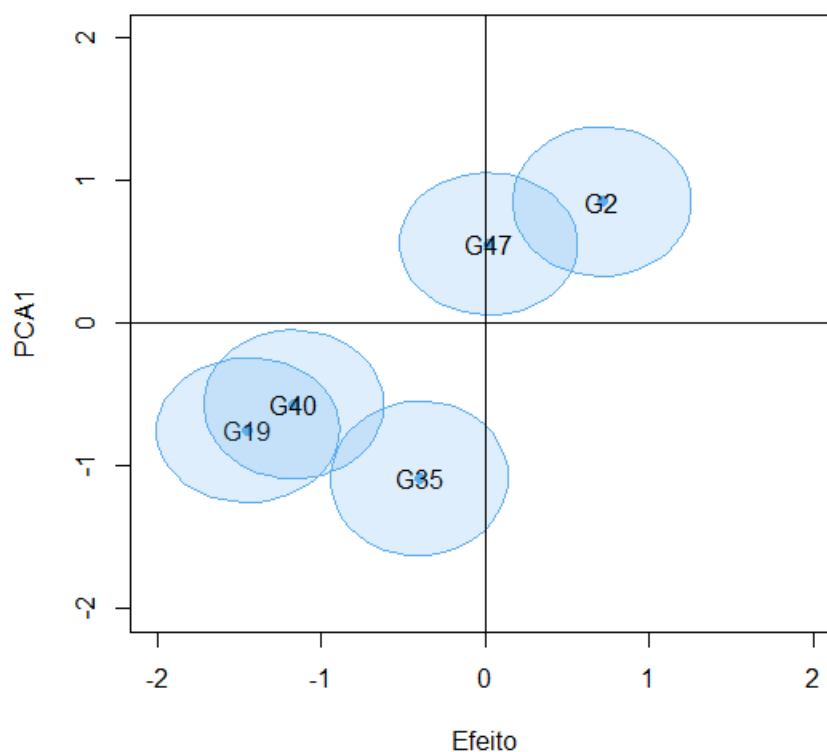


Figura 13 Médias a posteriori e regiões de credibilidade 95% (IC) para o primeiro escore genotípico significativamente diferente de zero.

6 DISCUSSÃO

Efeito *shrinkage* é reconhecidamente uma propriedade desejável para um estimador. A importância do uso de estimadores *shrinkage* é ressaltada por diversos pesquisadores (PIEPHO, 1995; RESENDE; DUARTE, 2007; SMITH; CULLIS; GILMOUR, 2001), mesmo que estes efeitos sejam considerados fixos em abordagens tradicionais. Estes estimadores/preditores, geralmente, produzem estimativas mais acuradas e realistas para os parâmetros em análise. No contexto dos modelos multiplicativos para efeitos fixos, aplicados na análise de dados em ensaio de cultivares, Cornelius e Crossa (1999) e Cornelius et al. (1996) consideraram um fator regressor multiplicando as médias fenotípicas dos termos bilineares que des-

crevem a interação *GE* e mostraram que modelos ajustados utilizando estimador *shrinkage* são mais parcimoniosos quando comparados a modelos truncados para um determinado número de termos por meio de testes estatísticos. Estes estimadores também se mostraram tão bons ou ainda melhores que os BLUPs de modelos com efeitos aleatórios.

Na abordagem aqui apresentada, procurou-se dar uma justificativa bayesiana para o método *shrinkage* proposto por Cornelius e Crossa (1999). Para tanto, utilizou-se a suposição que $\sigma_{\lambda_k}^2$ é um parâmetro desconhecido em $\lambda_k | \mu_{\lambda_k}, \sigma_{\lambda_k}^2$ e, sendo assim, precisa ser estimado. Dessa forma, demonstrou-se que é possível obter um efeito *shrinkage* semelhante ao proposto em Cornelius e Crossa (1999) para os valores singulares, sem violar as restrições do modelo. Ressalta-se ainda, que o efeito *shrinkage* pode ser pronunciado com maior ou menor intensidade, dependendo da priori atribuída à variância do valor singular.

Alguns dos resultados ressaltados já eram esperados e concordam com as pesquisas realizadas por Cornelius et al. (2001), Crossa et al. (2011) e Liu (2001). Estes autores relatam que estimativas bayesianas, ainda com prioris não informativas, são encolhidas em relação ao método de mínimos quadrados do modelo AMMI de efeitos fixos, mas menos encolhidas que as estimativas *shrinkage* do método proposto por Cornelius e Crossa (1999). Por outro lado, é possível perceber que ao fornecer mais informação como foi feito neste trabalho por meio das componentes de variância dos valores singulares, chegou-se a modelos mais parcimoniosos, além de estimativas mais acuradas para os parâmetros, como constatado em Liu (2001).

Além dos métodos mencionados acima, foi utilizado um procedimento baseado em *leave-one-out* (DIAS; KRZANOWSKI, 2003) com ênfase no sucesso preditivo. Este método prioriza a capacidade de um modelo aproximar suas predições a dados não incluídos na análise, sendo, portanto, mais eficiente para selecionar modelos parcimoniosos do que os testes baseados na estatística F . Por meio deste método, verificou-se que não haveria necessidade de incorporar qualquer termo bilinear ao modelo, ou seja, que a interação não teria efeito significativo para o modelo. Para o modelo AMMIBS verificou-se que o primeiro termo da interação deve ser retido. Essa diferença observada entre as duas metodologias pode ser devido à existência de pequenos padrões específicos da interação entre genótipo e ambiente (como pode ser visto na Figura 14, Apêndice). Sendo assim, o modelo AMMIB parece proporcionar maior sensibilidade de representação do padrão da interação existente.

Na literatura é ressaltado que uma das principais diferenças entre modelos com efeitos fixos e aleatórios está no estimador, que para parâmetros com efeito aleatório produz predições encolhidas em relação aos estimadores para parâmetros

com efeito fixo. O próprio estimador de Stein (1956) não requer quaisquer pressuposições com relação à distribuição dos parâmetros, mas apenas o relaxamento da suposição de ausência de viés. O método de Cornelius e Crossa (1999) dispensa o uso de testes F , o que representa uma vantagem sobre os procedimentos convencionais, já que não se pode garantir que os componentes principais tenham distribuição qui-quadrado, além de que estimadores encolhidos produzem predições mais realistas dos verdadeiros valores genéticos.

Contudo, este método é capaz de prever apenas o desempenho de um determinado genótipo dentro de ambientes, considerando dados balanceados e variâncias homogêneas. Outro problema com o *shrinkage* está na violação da suposição de que os valores singulares estejam em ordem decrescente de magnitude, o que requer o uso de estimativas combinadas, incorporada ao processo iterativo de estimação, como observado em resultados (Tabela 3).

Diferentemente, o método aqui apresentado possui as reconhecidas vantagens dos modelos com efeitos aleatórios quando comparados aos modelos frequentistas para efeitos fixos, lidando com facilidade com dados faltantes e variâncias heterogêneas. Além disso, na inferência bayesiana, informações referentes aos parâmetros podem ser incorporadas com facilidade, que é o caso de matrizes com coeficientes de parentesco, que têm sido utilizadas em programas de melhoramento de plantas para seleção e recomendação de melhores genótipos, bem como para melhorar a acurácia das predições. Embora estes aspectos não representem grandes problemas para as versões em modelo misto do AMMI e SREG (PIEPHO, 1997; SMITH; CULLIS; GILMOUR, 2001), impõem sérias limitações e dificuldades aos modelos com efeitos fixos.

Outra vantagem da inferência bayesiana está no fato de que a incerteza sobre os parâmetros é naturalmente considerada, já que todas as quantidades desconhecidas são vistas como variáveis aleatórias. Crossa et al. (2011) e Perez-Elizalde, Jarquin e Crossa (2012) mostraram como incorporar incerteza aos parâmetros bilineares que descrevem a interação que, ou são tratados descritivamente pelo método tradicional ou, ainda, suscetíveis a críticas devido às restrições impostas por métodos de inferências paramétricos frequentistas, bem como a procedimentos de amostragem de métodos não paramétricos (YAN; GLOVER; KANG, 2010; YANG et al., 2009). Neste trabalho foram apresentadas regiões de credibilidade para o biplot AMMI1 que relacionam efeitos principais e escores genotípicos de forma que produtividade e adaptabilidade possam ser observadas. O uso do modelo AMMIBS permitiu obter de um modelo mais parcimonioso, o que simplificou as interpretações e facilitou a identificação de grupos de genótipos e ambientes estáveis.

A abordagem bayesiana aplicada a modelos multiplicativos ainda é pouco

difundida na literatura, mas, como observado, oferece diversas possibilidades para análise de dados MET. O método apresentado neste trabalho pode ser aplicado a outros modelos multiplicativos, bem como em outras áreas de pesquisa se mostrando muito promissor para analisar dados em experimentos envolvendo interação entre fatores.

7 CONCLUSÃO

Diante dos resultados verificou-se que para obter um efeito de encolhimento para o modelo AMMI no contexto bayesiano não é necessário assumir que as componentes de variância dos valores singulares sejam variáveis aleatórias, como foi realizado no modelo AMMIBS.

Com o modelo AMMIBS mostrou que o efeito da interação GE se evidencia de forma mais acentuada para o primeiro componente principal, não tendo os demais termos relevância para representar o padrão da interação, segundo a suposição do estimador shrinkage de que estimativas que encolheram para valores próximos a zero não são incorporadas ao modelo e assim teríamos modelo AMMI1.

Ao utilizar o estimador *shrinkage* proposto por Cornelius e Crossa (1999), obteve-se resultado igual ao modelo AMMIB, quando o critério de seleção de termos foi similar ao proposto em Cornelius e Crossa (1999), levando a um modelo AMMI5. Contudo, este método não garante que a pressuposição exigida para os valores singulares seja mantida, o que é uma desvantagem em relação ao método aqui proposto.

Os diferentes métodos utilizados neste trabalho selecionaram diferentes membros da família AMMI. O critério *leave-one-out* foi o que mais se aproximou do método bayesiano aqui proposto, levando ao resultado de que a interação não teria efeito significativo, enquanto o modelo AMMIBS indicou a necessidade de incorporar o primeiro termo bilinear ao modelo. Com base na análise de variância em que o efeito da interação foi significativo e na análise gráfica da interação (Apêndice), mostra-se evidência de que o modelo AMMIBS possibilitou melhor representação no estudo da interação GE .

As regiões de credibilidade para as distribuições bivariadas em relação aos blups de efeitos de genótipos e escores genotípicos relacionados ao primeiro eixo principal, permitiram selecionar os genótipos mais produtivos e estáveis e, ainda, grupos homogêneos de genótipos com relação ao efeito da interação GE .

REFERÊNCIAS

- AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE Transactions on Automatic Control**, New York, v. 19, n. 6, p. 716-723, 1974.
- BERGER, J. O. **Statistical decision theory and Bayesian analysis**. New York: Springer, 1985. 442 p.
- BERNARDO, J. M.; SMITH, A. F. **Bayesian theory**. New York: J. Wiley, 1994. 597 p.
- BOX, G. E.; TIAO, G. C. **Bayesian inference in statistical analysis**. New York: A. Wesley, 2011. 588 p.
- CHEN, M. H.; SHAO, Q. M. Monte Carlo estimation of bayesian credible and HPD intervals. **Journal of Computational and Graphical Statistics**, Alexandria, v. 8, n. 1, p. 69-92, 1999.
- CORNELIUS, P. Statistical tests and retention of terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trials. **Crop Science**, Madison, v. 33, n. 6, p. 1186-1193, 1993.
- CORNELIUS, P. et al. Statistical tests and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. In: _____. **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC, 1996. p. 199-234.
- CORNELIUS, P.; SEYEDSADR, M. Estimation of general linear-bilinear models for two-way tables. **Journal of Statistical Computation and Simulation**, New York, v. 58, n. 4, p. 287-322, 1997.
- CORNELIUS, P.; SEYEDSADR, M.; CROSSA, J. Using the shifted multiplicative model to search for “separability” in crop cultivar trials. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 84, n. 1/2, p. 161-172, 1992.
- CORNELIUS, P. L.; CROSSA, J. Prediction assessment of shrinkage estimators of multiplicative models for multi-environment cultivar trials. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 4, p. 998-1009, 1999.
- CORNELIUS, P. L. et al. Contributions to multiplicative model analysis of genotype-environment data. In: JOINT STATISTICAL MEETINGS, 7.,

2001, Atlanta. **Proceedings...** Atlanta: American Statistical Association, 2001.

Disponível em: <<http://www.amstat.org/sections/SRMS/Proceedings/y2001/Proceed/00123.pdf>>. Acesso em: 13 nov. 2013.

CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. **Advances in Agronomy**, Madison, v. 44, n. 1, p. 55-85, 1990.

CROSSA, J. et al. Bayesian estimation of the additive main effects and multiplicative interaction model. **Crop Science**, Madison, v. 51, n. 4, p. 1458-1469, 2011.

DIAS, C. T. dos S.; KRZANOWSKI, W. J. Model selection and cross validation in additive main effect and multiplicative interaction models. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 3, p. 865-873, 2003.

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).

FOX, P.; CROSSA, J.; ROMAGOSA, I. Multi-environment testing and genotype \times environment interaction. In: KEMPTON, R.; FOX, P.; CERREZO, M. (Ed.). **Statistical methods for plant variety evaluation**. Wageningen: Springer, 1997. p. 117–138. (Plant Breeding Series, 3. Statistical Methods for Plant Variety Evaluation).

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

GABRIEL, K. R. Least squares approximation of matrices by additive and multiplicative models. **Journal of the Royal Statistical Society. Series B Methodological**, London, v. 40, n. 2, p. 186-196, 1978.

GABRIEL, K. R. Le biplot-outil d’exploration de données multidimensionnelles. **Journal de la Société française de statistique**, Paris, v. 143, n. 3/4, p. 5-55, 2002.

GAMERMAN, D.; LOPES, H. F. **Markov chain Monte Carlo: stochastic simulation for Bayesian inference**. 2nd ed. New York: Chapman & Hall, 2006. 344 p.

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

- GAUCH, H. G.; ZOBEL, W. Ammi analysis of yield trials. In: _____.
Genotype-by-environment interaction. Boca Raton: CRC, 1996. p. 85-122.
- GAUCH, J. H.; ZOBEL, R. W. Predictive and postdictive success of statistical analyses of yield trials. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 76, n. 1, p. 1-10, 1988.
- GELMAN, A. et al. **Bayesian data analysis**. 2nd ed. Boca Raton: CRC, 2003. 665 p.
- GOLLOB, H. F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. **Psychometrika**, Berlin, v. 33, n. 1, p. 73-115, 1968.
- HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF DR. JAY L. LUSH, 1973, Blacksburg. **Proceedings...** Champaign: ASAS/ASDA, 1973. p. 10-41.
- JAMES, W.; STEIN, C. Estimation with quadratic loss. In: SYMPOSIUM ON MATHEMATICAL STATISTICS AND PROBABILITY, 1961, Berkeley. **Proceedings...** Berkeley: University of California Press, 1961. v. 1, p. 361-379.
- JEFFREYS, H. **Theory of Probability**. 3rd ed. Oxford: Oxford Classic Texts in the Physical Sciences, 1961. 459 p.
- KRZANOWSKI, W. Cross-validation in principal component analysis. **Biometrics**, Washington, v. 43, n. 3, p. 575-584, 1987.
- LIU, G. **Bayesian computations for general linear-bilinear models**. 2001. 169 p. Thesis (Doctor of Philosophy) — University of Kentucky, Lexington-Kentucky, 2001.
- MACHADO, J. C. et al. Estabilidade de produção de híbridos simples e duplos de milho oriundos de um mesmo conjunto gênico. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 3, p. 627-631, 2008.
- MANDEL, J. A new analysis of variance model for non-additive data. **Technometrics**, Washington, v. 13, n. 1, p. 1-18, 1971.
- MARDIA, K. V.; KENT, J. T.; BIBBY, J. M. **Análise multivariada**. New York: Academic, 1979. 521 p.

MIGON, H. S. dos; GAMERMAN, D. **Statistical inference: an integrated approach**. New York: Arnold, 1999. 279 p.

OOMS, J. C. L. **The Highest Posterior Density Posterior Prior for Bayesian Model Selection**. 2009. 22 p. Dissertation (Research Master: Methodology and Statistics) — Universiteit Utrecht, Utrecht, 2009.

PAULINO, C. D.; TURKMAN, M. A. A.; MURTEIRA, B. **Estatística Bayesianana**. Lisboa: Serviço de Educação e Bolsas; Fundação Calouste Gulbenkian, 2003. 446 p.

PEREZ-ELIZALDE, S.; JARQUIN, D.; CROSSA, J. A general bayesian estimation method of linear–bilinear models applied to plant breeding trials with genotype \times environment interaction. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, Berlin, v. 17, n. 1, p. 15-37, 2012.

PIEPHO, H. P. Robustness of statistical tests for multiplicative terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trials. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 90, n. 3/4, p. 438-443, 1995.

PIEPHO, H. P. Analyzing genotype-environment data by mixed models with multiplicative terms. **Biometrics**, Washington, v. 90, n. 3/4, p. 761-766, June 1997.

R CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2013. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>. Acesso em: 10 mar. 2014.

RAFTERY, A. E.; LEWIS, S. M. [Practical markov chain monte carlo]: comment: one long run with diagnostics: implementation strategies for markov chain Monte Carlo. **Statistical Science**, Hayward, v. 7, n. 4, p. 493-497, Nov. 1992.

RESENDE, M. D. V. de. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007. 560 p.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a model. **The Annals of Statistics**, Hayward, v. 6, n. 2, p. 461-464, 1978.

SMITH, A.; CULLIS, B.; GILMOUR, A. Applications: the analysis of crop variety evaluation data in Australia. **Australian & New Zealand Journal of Statistics**, Melbourne, v. 43, n. 2, p. 129-145, 2001.

SPIEGELHALTER, D. J.; ABRAMS, K. R.; MYLES, J. P. **Bayesian approaches to clinical trials and health-care evaluation**. Chichester: J. Wiley, 2004. 391 p.

STEIN, C. Inadmissibility of the usual estimator for the mean of a multivariate normal distribution. In: BERKELEY SYMPOSIUM ON MATHEMATICAL STATISTICS AND PROBABILITY, 3., 1956, Los Angeles. **Proceedings...** Los Angeles: University of California, 1956. v. 1, p. 197-206.

SUNDBERG, R. Shrinkage regression. In: _____. **Encyclopedia of environmetrics**. New York: Wiley, 2002. v. 4, p. 1994–1998.

TIBSHIRANI, R. Regression shrinkage and selection via the lasso. **Journal of the Royal Statistical Society. Series B Methodological**, London, v. 58, n. 1, p. 267-288, Jan 1996.

VIELE, K.; SRINIVASAN, C. Parsimonious estimation of multiplicative interaction in analysis of variance using kullback-leibler information. **Journal of Statistical Planning and Inference**, Amsterdam, v. 84, n. 1, p. 201-219, 2000.

WARZECHA, T. et al. Genotype-by-environment interaction of barley DH lines infected with fusarium culmorum (W.G.Sm.) Sacc. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 120, n. 1, p. 21-30, 2011.

YAN, W.; GLOVER, K. D.; KANG, M. S. Comment on “biplot analysis of genotype \times environment interaction: proceed with caution”. **Crop Science**, Madiso, v. 50, n. 4, p. 1121-1123, 2010.

YANG, R. C. et al. Biplot analysis of genotype \times environment interaction: proceed with caution. **Crop Science**, Madiso, v. 49, n. 5, p. 1564-1576, 2009.

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

APÊNDICE

A seguir são apresentadas as tabelas com os resumos das inferências, a posteriori, para os efeitos principais de genótipos, para as coordenadas dos dois primeiros vetores singulares genotípicos e ambientais e para os escores (genotípicos e ambientais) relacionados ao primeiro eixo principal. Para as coordenadas dos vetores singulares são apresentadas as médias a posteriori e as médias corrigidas, como proposto por Liu (2001). São apresentadas ainda a tabela de análise de variância (ANOVA), e as tabelas com as análises para os termos bilineares, usando o teste F Gollob e o teste F Cornelius, e também o gráfico ilustrando o efeito da interação genótipo ambiente.

Tabela 5 Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (IC) 95% para efeito de genotípico.

Parâmetro	Média	Sd	Regiões HPD a 95%	
			LI	LS
G_{19}	-1,4477	0,2282	-1,8818	-0,9844
G_{29}	-1,2813	0,2268	-1,7099	-0,8218
G_{40}	-1,1681	0,2245	-1,5844	-0,7069
G_{13}	-1,1552	0,2278	-1,5985	-0,7143
G_{37}	-0,9022	0,227	-1,3481	-0,4705
G_5	-0,7519	0,2225	-1,1912	-0,3251
G_{53}	-0,5419	0,2243	-0,9819	-0,1039
G_{50}	-0,52	0,2191	-0,959	-0,1006
G_{38}	-0,5118	0,2251	-0,9308	-0,0488
G_{43}	-0,4959	0,2201	-0,9259	-0,0654
G_{33}	-0,4358	0,2249	-0,8685	0,0097
G_{35}	-0,401	0,2212	-0,82	0,0401
G_{16}	-0,3337	0,2238	-0,7638	0,0953
G_{55}	-0,3257	0,2249	-0,7453	0,1354
G_{44}	-0,2966	0,2262	-0,7268	0,1567
G_{28}	-0,2498	0,223	-0,6834	0,1875
G_{22}	-0,2096	0,2259	-0,6324	0,2468
G_3	-0,1678	0,2253	-0,6149	0,2639
G_{45}	-0,1153	0,2226	-0,5475	0,3213
G_{25}	-0,0272	0,223	-0,4516	0,4139
G_{26}	-0,0232	0,223	-0,4644	0,4064
G_{54}	-0,0013	0,2251	-0,4253	0,4509
G_{42}	-0,0005	0,2235	-0,4375	0,4411
G_{48}	0,0157	0,2258	-0,418	0,4604
G_{47}	0,0191	0,222	-0,4057	0,4596
G_{20}	0,0397	0,2242	-0,4167	0,4581
G_{14}	0,0408	0,2234	-0,4174	0,4531
G_{31}	0,0496	0,2189	-0,3669	0,4858
G_{34}	0,0591	0,2231	-0,4058	0,473
G_{18}	0,0656	0,2229	-0,3767	0,4841
G_9	0,0903	0,2241	-0,3496	0,5314
G_{52}	0,1008	0,2234	-0,3247	0,556
G_{36}	0,1103	0,2238	-0,3168	0,5605
G_{51}	0,1167	0,223	-0,3195	0,5454
G_{41}	0,1173	0,2221	-0,3181	0,5474

G_8	0,1227	0,2231	-0,3236	0,5448
G_{32}	0,1254	0,2232	-0,2889	0,5859
G_{30}	0,1314	0,2224	-0,305	0,5687
G_{12}	0,1963	0,2229	-0,2369	0,6389
G_{10}	0,324	0,2237	-0,1142	0,7607
G_{17}	0,33	0,22	-0,1175	0,7426
G_{27}	0,4251	0,2248	0,018	0,8998
G_{23}	0,4346	0,2233	-0,0177	0,8537
G_{21}	0,5057	0,2228	0,0592	0,9197
G_{15}	0,5265	0,2238	0,0903	0,9689
G_{39}	0,5288	0,2208	0,0915	0,9515
G_{49}	0,5535	0,2234	0,1017	0,9805
G_7	0,6333	0,2237	0,1818	1,0524
G_{24}	0,6501	0,2252	0,2065	1,0848
G_{11}	0,6793	0,2243	0,224	1,1087
G_1	0,6857	0,2225	0,2641	1,1259
G_2	0,7102	0,2228	0,2803	1,1494
G_4	0,7667	0,225	0,3351	1,2108
G_{46}	0,8684	0,2239	0,4335	1,3055
G_6	1,3104	0,2278	0,867	1,7536

Tabela 6 Médias a posteriori, Médias corrigidas Liu (ML), desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (IC) 95% para o primeiro vetor singular genotípico.

Parâmetro	Média	ML	Sd	Regiões HPD a 95%	
				LI	LS
α_{11}	-0,09559	-0,11676	0,08068	-0,24795	0,066486
α_{12}	0,313533	0,382993	0,075493	0,165029	0,45966
α_{13}	-0,10858	-0,13263	0,077496	-0,26301	0,040659
α_{14}	-0,04262	-0,05206	0,083952	-0,20793	0,11984
α_{15}	0,036795	0,044946	0,079764	-0,12389	0,188772
α_{16}	0,10874	0,13283	0,081218	-0,04532	0,270799
α_{17}	-0,01532	-0,01871	0,078308	-0,16298	0,144708
α_{18}	0,025242	0,030834	0,084486	-0,14179	0,186353
α_{19}	0,11359	0,138755	0,082322	-0,0492	0,273929
α_{110}	0,033452	0,040863	0,079143	-0,13027	0,179541

α_{111}	-0,08041	-0,09822	0,077977	-0,23129	0,071944
α_{112}	0,014051	0,017164	0,074619	-0,1325	0,160974
α_{113}	-0,17131	-0,20927	0,077953	-0,31919	-0,01675
α_{114}	-0,01066	-0,01303	0,076742	-0,15452	0,145514
α_{115}	0,010332	0,012621	0,076356	-0,13722	0,158555
α_{116}	-0,07008	-0,08561	0,075214	-0,21581	0,078675
α_{117}	0,018253	0,022296	0,078029	-0,134	0,17144
α_{118}	0,001574	0,001922	0,077417	-0,14909	0,156723
α_{119}	-0,27393	-0,33462	0,073843	-0,41809	-0,13302
α_{120}	-0,06251	-0,07636	0,077708	-0,21467	0,087209
α_{121}	-0,05944	-0,0726	0,084362	-0,22581	0,103629
α_{122}	0,021092	0,025765	0,080736	-0,13622	0,177455
α_{123}	0,073547	0,08984	0,07836	-0,088	0,220583
α_{124}	0,049396	0,060339	0,077508	-0,09279	0,210664
α_{125}	0,154357	0,188553	0,076543	0,010578	0,310977
α_{126}	0,096845	0,1183	0,073628	-0,04531	0,243001
α_{127}	0,146878	0,179417	0,080313	-0,00808	0,306645
α_{128}	-0,08914	-0,10889	0,074521	-0,24094	0,050338
α_{129}	-0,07288	-0,08902	0,074542	-0,21124	0,081431
α_{130}	0,023189	0,028326	0,078554	-0,12876	0,181822
α_{131}	-0,02108	-0,02575	0,080662	-0,17502	0,141913
α_{132}	-0,01364	-0,01666	0,082538	-0,17411	0,14762
α_{133}	-0,07264	-0,08873	0,075647	-0,22024	0,075809
α_{134}	-0,07376	-0,09011	0,074941	-0,22234	0,071348
α_{135}	-0,39758	-0,48566	0,07619	-0,54562	-0,2499
α_{136}	-0,01295	-0,01582	0,07782	-0,16256	0,141694
α_{137}	-0,02392	-0,02923	0,076157	-0,17404	0,122932
α_{138}	-0,01442	-0,01762	0,076074	-0,15982	0,139528
α_{139}	0,116161	0,141895	0,074401	-0,0354	0,253498
α_{140}	-0,20804	-0,25413	0,077109	-0,3589	-0,0598
α_{141}	0,02749	0,03358	0,077016	-0,12148	0,174771
α_{142}	0,06082	0,074294	0,076363	-0,0837	0,214674
α_{143}	-0,017	-0,02077	0,077032	-0,16912	0,131301
α_{144}	-0,01735	-0,02119	0,077234	-0,17709	0,123798
α_{145}	-0,06498	-0,07937	0,077539	-0,21126	0,092022
α_{146}	0,125762	0,153623	0,074252	-0,01869	0,270871
α_{147}	0,204805	0,250177	0,073515	0,05367	0,340537
α_{148}	-0,02319	-0,02833	0,076689	-0,17926	0,126788
α_{149}	0,068398	0,083551	0,074637	-0,0824	0,207904

α_{150}	0,079864	0,097557	0,076865	-0,07105	0,231236
α_{151}	0,036097	0,044094	0,074489	-0,10522	0,186655
α_{152}	-0,02448	-0,0299	0,078899	-0,17207	0,134645
α_{153}	0,033387	0,040783	0,075169	-0,11125	0,182463
α_{154}	0,085141	0,104003	0,074578	-0,05481	0,236921
α_{155}	0,058713	0,07172	0,078069	-0,09251	0,211665

Tabela 7 Médias a posteriori, Médias corrigidas Liu (ML), desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (IC) 95% para o segundo vetor singular genotípico.

Parâmetro	Média	ML	Sd	Regiões HPD a 95%	
				LI	LS
α_{21}	7,22e-04	0,0697	0,1363	-0,2623	0,2674
α_{22}	-6,68e-04	-0,0646	0,1283	-0,2471	0,2559
α_{23}	-2,81e-04	-0,0272	0,1368	-0,2694	0,2676
α_{24}	-1,64e-03	-0,1585	0,1357	-0,2743	0,2572
α_{25}	-1,36e-03	-0,1315	0,1360	-0,2744	0,2533
α_{26}	3,45e-04	0,0334	0,1353	-0,2555	0,2690
α_{27}	1,98e-03	0,1913	0,1357	-0,2563	0,2735
α_{28}	9,48e-04	0,0915	0,1366	-0,2537	0,2785
α_{29}	-1,05e-03	-0,1015	0,1347	-0,2614	0,2594
α_{210}	1,25e-03	0,1206	0,1363	-0,2717	0,2615
α_{211}	1,18e-03	0,1141	0,1366	-0,2681	0,2602
α_{212}	-1,15e-03	-0,1114	0,1366	-0,2535	0,2776
α_{213}	-2,41e-03	-0,2331	0,1338	-0,2702	0,2502
α_{214}	4,31e-03	0,4167	0,1344	-0,2533	0,2682
α_{215}	1,25e-03	0,1208	0,1355	-0,2632	0,2675
α_{216}	9,02e-04	0,0871	0,1355	-0,2507	0,2806
α_{217}	-1,03e-03	-0,0997	0,1347	-0,2660	0,2563
α_{218}	-3,20e-03	-0,3090	0,1357	-0,2574	0,2686
α_{219}	7,54e-04	0,0729	0,1302	-0,2588	0,2473
α_{220}	-2,03e-03	-0,1962	0,1358	-0,2637	0,2619
α_{221}	-1,50e-03	-0,1451	0,1342	-0,2668	0,2559
α_{222}	-9,27e-04	-0,0895	0,1362	-0,2785	0,2527
α_{223}	-1,03e-03	-0,0995	0,1358	-0,2868	0,2481
α_{224}	2,99e-03	0,2893	0,1355	-0,2534	0,2757

α_{225}	5,75e-04	0,0556	0,1318	-0,2503	0,2635
α_{226}	9,65e-04	0,0932	0,1352	-0,2572	0,2716
α_{227}	-1,71e-03	-0,1652	0,1326	-0,2496	0,2658
α_{228}	-1,25e-03	-0,1203	0,1341	-0,2587	0,2603
α_{229}	-1,61e-03	-0,1554	0,1357	-0,2713	0,2582
α_{230}	-2,02e-03	-0,1949	0,1357	-0,2609	0,2676
α_{231}	-2,25e-04	-0,0218	0,1353	-0,2563	0,2662
α_{232}	5,59e-04	0,0540	0,1341	-0,2608	0,2573
α_{233}	-2,80e-05	-0,0027	0,1362	-0,2580	0,2721
α_{234}	-8,85e-04	-0,0855	0,1363	-0,2685	0,2667
α_{235}	1,94e-03	0,1876	0,1232	-0,2474	0,2338
α_{236}	-5,77e-04	-0,0557	0,1367	-0,2583	0,2728
α_{237}	-1,54e-04	-0,0149	0,1355	-0,2613	0,2637
α_{238}	1,14e-04	0,0110	0,1362	-0,2762	0,2552
α_{239}	-4,38e-04	-0,0423	0,1359	-0,2710	0,2561
α_{240}	-5,75e-06	-0,0006	0,1332	-0,2576	0,2536
α_{241}	1,71e-03	0,1652	0,1360	-0,2537	0,2789
α_{242}	-2,60e-04	-0,0251	0,1371	-0,2650	0,2710
α_{243}	7,33e-04	0,0708	0,1354	-0,2575	0,2724
α_{244}	-1,34e-04	-0,0130	0,1354	-0,2742	0,2564
α_{245}	1,29e-03	0,1244	0,1341	-0,2507	0,2705
α_{246}	-1,37e-03	-0,1323	0,1346	-0,2594	0,2659
α_{247}	4,95e-04	0,0478	0,1300	-0,2643	0,2439
α_{248}	1,99e-03	0,1921	0,1348	-0,2599	0,2611
α_{249}	2,40e-04	0,0232	0,1346	-0,2707	0,2532
α_{250}	7,68e-04	0,0742	0,1352	-0,2624	0,2605
α_{251}	9,05e-04	0,0874	0,1374	-0,2584	0,2763
α_{252}	1,32e-03	0,1279	0,1352	-0,2590	0,2601
α_{253}	8,19e-04	0,0791	0,1356	-0,2655	0,2548
α_{254}	-1,15e-03	-0,1113	0,1357	-0,2638	0,2638
α_{255}	-9,64e-04	-0,0931	0,1340	-0,2557	0,2668

Tabela 8 Médias a posteriori, Médias corrigidas Liu (ML), desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (IC) 95% para o primeiro vetor singular ambiental.

Parâmetro	Média	ML	Sd	Regiões HPD a 95%	
				LI	LS
γ_{11}	-0,2173	-0,2287	0,0967	-0,4069	-0,0299
γ_{21}	-0,2235	-0,2353	0,0886	-0,395	-0,046
γ_{31}	-0,0534	-0,0562	0,0889	-0,2182	0,1257
γ_{41}	-0,2063	-0,2172	0,1225	-0,4563	0,0281
γ_{51}	0,3432	0,3613	0,0973	0,1407	0,5211
γ_{61}	0,6795	0,7154	0,0881	0,5064	0,8396
γ_{71}	-0,3956	-0,4165	0,1086	-0,5949	-0,1673
γ_{81}	-0,0657	-0,0692	0,1039	-0,2602	0,1481
γ_{91}	0,1391	0,1465	0,1335	-0,1291	0,3873

Tabela 9 Médias a posteriori, Médias corrigidas Liu (ML), desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (IC) 95% para o segundo vetor singular ambiental.

Parâmetro	Média	ML	Sd	Regiões HPD a 95%	
				LI	LS
γ_{12}	0,0016	0,1424	0,3463	-0,6641	0,6276
γ_{22}	0,0061	0,531	0,3449	-0,608	0,6786
γ_{32}	-0,0053	-0,4607	0,3563	-0,6739	0,6458
γ_{42}	-0,0046	-0,4028	0,3417	-0,6661	0,6041
γ_{52}	0,0047	0,4065	0,3293	-0,6336	0,6036
γ_{62}	-0,0016	-0,1368	0,2442	-0,4622	0,4614
γ_{72}	-0,0037	-0,3189	0,3206	-0,5874	0,6122
γ_{82}	0,0006	0,0527	0,3513	-0,6428	0,6512
γ_{92}	0,0021	0,1864	0,3509	-0,6475	0,6572

Tabela 10 Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (IC) 95% para efeito de genotípico.

Parâmetro	Média	Sd	Regiões HPD a 95%	
			LI	LS

$\alpha_{11} \sqrt{\lambda_1}$	-0,2607	0,2197	-0,6799	0,1777
$\alpha_{21} \sqrt{\lambda_1}$	0,8551	0,2143	0,4324	1,2664
$\alpha_{31} \sqrt{\lambda_1}$	-0,2960	0,2112	-0,7270	0,1033
$\alpha_{41} \sqrt{\lambda_1}$	-0,1164	0,2282	-0,5747	0,3134
$\alpha_{51} \sqrt{\lambda_1}$	0,1004	0,2166	-0,3351	0,5153
$\alpha_{61} \sqrt{\lambda_1}$	0,2964	0,2211	-0,1188	0,7393
$\alpha_{71} \sqrt{\lambda_1}$	-0,0416	0,2126	-0,4536	0,3800
$\alpha_{81} \sqrt{\lambda_1}$	0,0689	0,2293	-0,3736	0,5116
$\alpha_{91} \sqrt{\lambda_1}$	0,3098	0,2247	-0,1161	0,7707
$\alpha_{101} \sqrt{\lambda_1}$	0,0913	0,2148	-0,3244	0,5150
$\alpha_{111} \sqrt{\lambda_1}$	-0,2193	0,2121	-0,6321	0,1964
$\alpha_{121} \sqrt{\lambda_1}$	0,0383	0,2026	-0,3327	0,4663
$\alpha_{131} \sqrt{\lambda_1}$	-0,4670	0,2139	-0,8786	-0,0466
$\alpha_{141} \sqrt{\lambda_1}$	-0,0291	0,2081	-0,4265	0,3906
$\alpha_{151} \sqrt{\lambda_1}$	0,0280	0,2071	-0,3734	0,4296
$\alpha_{161} \sqrt{\lambda_1}$	-0,1913	0,2050	-0,5792	0,2192
$\alpha_{171} \sqrt{\lambda_1}$	0,0499	0,2119	-0,3515	0,4722
$\alpha_{181} \sqrt{\lambda_1}$	0,0043	0,2100	-0,4193	0,4100
$\alpha_{191} \sqrt{\lambda_1}$	-0,7469	0,2071	-1,1560	-0,3528
$\alpha_{201} \sqrt{\lambda_1}$	-0,1705	0,2112	-0,5671	0,2556
$\alpha_{211} \sqrt{\lambda_1}$	-0,1621	0,2293	-0,6181	0,2777
$\alpha_{221} \sqrt{\lambda_1}$	0,0578	0,2192	-0,3705	0,4811
$\alpha_{231} \sqrt{\lambda_1}$	0,2003	0,2128	-0,2229	0,6181
$\alpha_{241} \sqrt{\lambda_1}$	0,1346	0,2103	-0,2515	0,5707
$\alpha_{251} \sqrt{\lambda_1}$	0,4207	0,2095	0,0287	0,8512
$\alpha_{261} \sqrt{\lambda_1}$	0,2643	0,2011	-0,1217	0,6659
$\alpha_{271} \sqrt{\lambda_1}$	0,4006	0,2196	-0,0422	0,8179
$\alpha_{281} \sqrt{\lambda_1}$	-0,2431	0,2028	-0,6412	0,1504
$\alpha_{291} \sqrt{\lambda_1}$	-0,1986	0,2023	-0,5747	0,2180
$\alpha_{301} \sqrt{\lambda_1}$	0,0633	0,2132	-0,3592	0,4824
$\alpha_{311} \sqrt{\lambda_1}$	-0,0576	0,2190	-0,4899	0,3699
$\alpha_{321} \sqrt{\lambda_1}$	-0,0374	0,2241	-0,4715	0,4025
$\alpha_{331} \sqrt{\lambda_1}$	-0,1979	0,2059	-0,6075	0,2014
$\alpha_{341} \sqrt{\lambda_1}$	-0,2013	0,2040	-0,6001	0,2010
$\alpha_{351} \sqrt{\lambda_1}$	-1,0842	0,2211	-1,5041	-0,6382
$\alpha_{361} \sqrt{\lambda_1}$	-0,0353	0,2113	-0,4437	0,3870
$\alpha_{371} \sqrt{\lambda_1}$	-0,0653	0,2068	-0,5008	0,3074

$\alpha_{381} \sqrt{\lambda_1}$	-0,0392	0,2064	-0,4392	0,3653
$\alpha_{391} \sqrt{\lambda_1}$	0,3167	0,2032	-0,0963	0,6958
$\alpha_{401} \sqrt{\lambda_1}$	-0,5672	0,2130	-0,9855	-0,1618
$\alpha_{411} \sqrt{\lambda_1}$	0,0749	0,2090	-0,3434	0,4632
$\alpha_{421} \sqrt{\lambda_1}$	0,1660	0,2075	-0,2250	0,5813
$\alpha_{431} \sqrt{\lambda_1}$	-0,0462	0,2092	-0,4427	0,3711
$\alpha_{441} \sqrt{\lambda_1}$	-0,0472	0,2094	-0,4775	0,3401
$\alpha_{451} \sqrt{\lambda_1}$	-0,1771	0,2108	-0,5968	0,2246
$\alpha_{461} \sqrt{\lambda_1}$	0,3430	0,2027	-0,0608	0,7277
$\alpha_{471} \sqrt{\lambda_1}$	0,5585	0,2038	0,1477	0,9410
$\alpha_{481} \sqrt{\lambda_1}$	-0,0632	0,2082	-0,4783	0,3525
$\alpha_{491} \sqrt{\lambda_1}$	0,1864	0,2030	-0,2101	0,5767
$\alpha_{501} \sqrt{\lambda_1}$	0,2179	0,2091	-0,1957	0,6286
$\alpha_{511} \sqrt{\lambda_1}$	0,0983	0,2024	-0,3020	0,4897
$\alpha_{521} \sqrt{\lambda_1}$	-0,0669	0,2140	-0,4790	0,3516
$\alpha_{531} \sqrt{\lambda_1}$	0,0909	0,2043	-0,3032	0,4883
$\alpha_{541} \sqrt{\lambda_1}$	0,2322	0,2033	-0,1615	0,6339
$\alpha_{551} \sqrt{\lambda_1}$	0,1600	0,2122	-0,2680	0,5547

Tabela 11 Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (IC) 95% para efeito de genotípico.

Parâmetro	Média	Sd	Regiões HPD a 95%	
			LI	LS
$\gamma_{11} \sqrt{\lambda_1}$	-0.5921	0.2648	-1.1234	-0.0894
$\gamma_{21} \sqrt{\lambda_1}$	-0.6089	0.2429	-1.0846	-0.1341
$\gamma_{31} \sqrt{\lambda_1}$	-0.1454	0.2406	-0.5862	0.3399
$\gamma_{41} \sqrt{\lambda_1}$	-0.5620	0.3332	-1.2055	0.1004
$\gamma_{51} \sqrt{\lambda_1}$	0.9350	0.2693	0.3769	1.4353
$\gamma_{61} \sqrt{\lambda_1}$	1.8512	0.2623	1.322	2.3354
$\gamma_{71} \sqrt{\lambda_1}$	-1.0776	0.3004	-1.6539	-0.4667
$\gamma_{81} \sqrt{\lambda_1}$	-0.1791	0.2820	-0.7298	0.3703
$\gamma_{91} \sqrt{\lambda_1}$	0.3791	0.3622	-0.3533	1.0464

Tabela 12 Análise de variância conjunta do experimento com 55 genótipos avaliados em 9 ambientes com 3 blocos.

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
Environments	8	8994,2409	1124,2801	964,1083	2,00e-16	***
Genotypes	54	593,484	10,9904	9,4247	2,00e-16	***
Blocks(Env.)	18	57,4934	3,1941	2,739	0,000127	***
Env. x Genotype	432	938,1086	2,1715	1,8622	1,82e-15	***
Residuals	972	1133,4829	1,1661			
Total	1466	11715,8098				

Tabela 13 Decomposição de soma de quadrados de interação pelo teste F de Gollob.

	Per. %	Per. Acu. %	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
AMMI1	28,06	28,06	61	263,1954	4,3147	3,7	0	***
AMMI2	19,7	47,76	59	184,8171	3,1325	2,6862	0	***
AMMI3	15,84	63,6	57	148,5787	2,6066	2,2352	0,000001	***
AMMI4	10,55	74,15	55	99,0153	1,8003	1,5438	0,007733	*
AMMI5	9,84	83,99	53	92,3406	1,7423	1,4941	0,014037	*
AMMI6	8,46	92,45	51	79,3483	1,5558	1,3342	0,061565	
AMMI7	4,33	96,78	49	40,6269	0,8291	0,711	0,933383	
AMMI8	3,22	100	47	30,1863	0,6423	0,5508	0,99413	

Tabela 14 Decomposição de soma de quadrados de interação pelo teste F_R de Cornelius.

	Per. %	Per. Acu. %	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
AMMI1	28,06	28,06	371	263,1954	1,8192	1,56	0	***
AMMI2	19,7	47,76	312	184,8171	1,5708	1,347	0,000432	**

AMMI3	15,84	63,6	255	148,5787	1,3393	1,1485	0,076531	.
AMMI4	10,55	74,15	200	99,0153	1,2125	1,0398	0,351652	
AMMI5	9,84	83,99	147	92,3406	1,0215	0,876	0,843573	
AMMI6	8,46	92,45	96	79,3483	0,7376	0,6325	0,997461	
AMMI7	4,33	96,78	47	40,6269	0,6423	0,5508	0,99413	
AMMI8	3,22	100	0	30,1863	-	-	-	

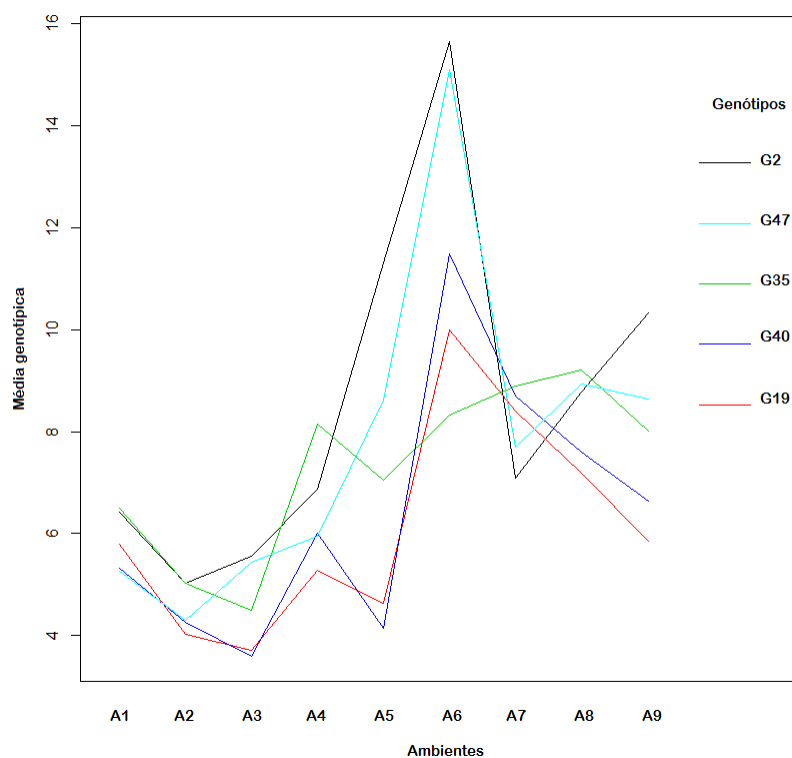


Figura 14 Gráfico ilustrativo do efeito da interação genótipo ambiente, com os genótipos G_2 , G_{19} , G_{35} , G_{40} e G_{47} em todos os ambientes.