



LUCIANO ANTONIO DE OLIVEIRA

**REGIÕES DE CREDIBILIDADE PARA ESCORES
GENOTÍPICOS E AMBIENTAIS EM MODELO AMMI
COM EFEITOS ALEATÓRIOS PARA GENÓTIPOS**

LAVRAS - MG

2014



LUCIANO ANTONIO DE OLIVEIRA

**REGIÕES DE CREDIBILIDADE PARA ESCORES GENOTÍPICOS E
AMBIENTAIS EM MODELO AMMI COM EFEITOS ALEATÓRIOS
PARA GENÓTIPOS**

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
Prof. Dr. Marcio Balestre

**LAVRAS - MG
2014**

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

Oliveira, Luciano Antonio de.

Regiões de credibilidade para escores genotípicos e ambientais em modelo AMMI com efeitos aleatórios para genótipos / Luciano Antonio de Oliveira. – Lavras: UFLA, 2014.

136 p. : il.

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

Orientador: Marcio Balestre.

Bibliografia.

1. Representação biplot. 2. Abordagem bayesiana. 3. Interação genótipo - ambiente. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD - 519.542

LUCIANO ANTONIO DE OLIVEIRA

**REGIÕES DE CREDIBILIDADE PARA ESCORES GENOTÍPICOS E
AMBIENTAIS EM MODELO AMMI COM EFEITOS ALEATÓRIOS
PARA GENÓTIPOS**

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 06 de fevereiro de 2014.

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

UFLA
UFLA

Dr. Marcio Balestre
Orientador

**LAVRAS - MG
2014**

À minha esposa Alessandra pela força, carinho e compreensão. DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, em primeiro lugar e sempre.

A minha querida esposa Alessandra pelo incentivo, paciência e apoio nos momentos difíceis.

Aos meus pais e irmãos, que sempre me deram força para que eu superasse todas as dificuldades.

Em especial ao Carlão, grande amigo e companheiro de batalha.

Aos companheiros Fernando, Leila, Andrezza, Joel Nuvunga e Clailton Freitas, pela grande ajuda durante a realização deste projeto.

Aos professores: Devanil Jaques de Souza, Júlio Silvio de Sousa Bueno Filho, Thelma Sáfadi 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) pela concessão da bolsa de estudos.

RESUMO

O modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI) tem sido frequentemente aplicado em melhoramento de plantas, para o estudo da interação entre genótipos e ambientes ($G \times E$). Um dos principais problemas relacionados a esse método de análise é que a representação biplot convencional não comporta nenhuma medida da incerteza referente aos termos bilineares plotados. Desta forma, conduziu-se este trabalho, com o objetivo de incorporar inferência ao biplot por meio da construção de regiões de credibilidade para os escores genotípicos e ambientais, a partir do modelo AMMI, utilizando priori informativa para o efeito de genótipo. Essa abordagem difere dos métodos bayesianos apresentados até o momento em que assumem as mesmas restrições presentes no modelo para efeitos fixos (restrições de identificabilidade). Para a exemplificação desse método foi utilizado um conjunto de dados referentes ao ensaio de 55 híbridos de milho em 9 ambientes distintos, cuja variável em estudo é a produtividade de espigas despalhadas, em $t\ ha^{-1}$. As amostras para o processo de inferência foram obtidas, utilizando o amostrador de Gibbs. Os resultados das análises evidenciaram a grande flexibilidade do método bayesiano para incorporação de inferência aos parâmetros do modelo. As representações gráficas em biplot associadas às regiões de credibilidade construídas permitiram a identificação dos genótipos e ambientes que não possuem contribuições significativas para a interação $G \times E$, de subgrupos homogêneos de genótipos e ambientes, com relação ao efeito da interação, e ainda adaptabilidade de genótipos a ambientes específicos, que são de grande interesse para melhoristas. O ranqueamento dos BLUPs para efeitos de genótipos, utilizando as regiões de máxima densidade a posteriori (HPD), aliado às informações obtidas por meio das regiões de credibilidade para os escores genotípicos e ambientais possibilitaram a identificação dos melhores genótipos, em relação à característica em análise.

Palavras-chave: Representação biplot. Abordagem bayesiana. Interação entre genótipos e ambientes.

ABSTRACT

The additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) model has often been applied in plant breeding to study the interaction between genotypes and environments ($G \times E$). One of the main problems related to this method of analysis is that conventional biplot representation do not support any uncertainty measurements concerning to the plotted bilinear terms. Thus, we conducted this study with the aim to incorporate the biplot inference by building credibility regions for both the genotypic and environmental scores from the AMMI model using prior informative for the genotype effect. This approach differs from Bayesian methods presented so far that assume the same restrictions present in the model for fixed effects (identifiability restrictions). As example of this method we used a set of data relating to the essay of 55 hybrids maize in 9 different environments, which the study variable is the productivity of husked maize, in tha^{-1} . The samples for the inference process were obtained using the Gibbs sampler. The analysis results showed a great flexibility of the Bayesian inference method to incorporating the parameters of model. The biplot graphical representations associated to the credibility regions built allowed the identification of genotypes and environments that do not have significant contributions to the ($G \times E$) interaction, the homogeneous genotypes and environments subgroups related to the interaction effect, and also adaptability of genotypes to specific environments, which are of great interest to agriculture reseachers. The ranking of BLUPs for the effect genotype, using the regions of highest posterior density (HPD), combined with information obtained through the regions of credibility for the genotypic and environmental scores allowed the identification of the best genotypes in relation to the characteristic analyzed.

Keywords: Biplot representation. Bayesian approach. Genotypes and environments interaction.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Representação geométrica do produto interno entre dois vetores.	25
Figura 2	Relação entre coordenadas retangulares e polares.	30
Figura 3	Representação para variável esférica.	31
Figura 4	Traços das cadeias geradas pela posteriori para as duas primeiras coordenadas dos vetores singulares genotípicos e ambientais, associados ao segundo valor singular, sem a separação das cadeias para as duas soluções.	72
Figura 5	Densidades a posteriori das coordenadas α_{62} , γ_{62} , α_{43} e γ_{43} , referentes aos vetores genotípicos e ambientais associados a λ_2 e λ_3 , respectivamente, sem os ajustes das cadeias para a solução positiva.	73
Figura 6	Traços das cadeias MCMC para as componentes de variância e para os dois primeiros valores singulares.	74
Figura 7	Média a posteriori e regiões de credibilidade HPD (á 95% de credibilidade) para efeito de genótipos referentes aos dados provenientes do ensaio de 55 genótipos em 9 ambientes.	75
Figura 8	Densidades marginais a posteriori para as primeiras coordenadas referentes aos dois primeiros vetores singulares genotípicos e ambientais, α_{11} , α_{12} , γ_{11} e γ_{12} , respectivamente.	78
Figura 9	Histogramas das densidades marginais a posteriori para os valores singulares.	82
Figura 10	Densidades a posteriori para os escores genotípicos e ambientais referentes aos dois primeiros eixos principais relacionados ao genótipo G1 e ao ambiente A1, respectivamente.	83
Figura 11	Regiões de credibilidade a 95% para os escores genotípicos, referentes aos dois primeiros eixos principais, somente regiões que não englobaram a origem estão representadas.	85
Figura 12	Regiões de credibilidade a 95% para os escores ambientais referentes aos dois primeiros eixos principais, somente as regiões que não englobam a origem estão representadas	86
Figura 13	Regiões bivariadas a 95% de credibilidade para escores genotípicos e ambientais. Apenas regiões que não incluem a origem são apresentadas.	88
Figura 14	Traços das cadeias geradas pelo método MCMC para os valores singulares λ_3 , λ_4 , λ_5 , λ_6 , λ_7 e λ_8	102

Figura 15	Traços das cadeias geradas pelo método MCMC e densidades a posteriori estimadas para os efeitos principais dos genótipos: G_1, G_2 e G_4	103
Figura 16	Traços das cadeias geradas pelo método MCMC e densidades a posteriori estimadas para os efeitos principais dos genótipos: G_6, G_7 e G_{11}	104
Figura 17	Traços das cadeias geradas pelo método MCMC e densidades a posteriori estimadas para os efeitos principais dos genótipos: G_{15}, G_{21} e G_{23}	105
Figura 18	Traços das cadeias geradas pelo método MCMC e densidades a posteriori estimadas para os efeitos principais de genótipos: G_{24}, G_{27} e G_{39}	106
Figura 19	Traços das cadeias geradas pelo método MCMC e densidades a posteriori estimadas para os efeitos principais dos genótipos: G_{46} e G_{49}	107
Figura 20	Densidades a posteriori estimadas para os parâmetros: $\alpha_{21}, \alpha_{22}, \alpha_{91}, \alpha_{92}, \alpha_{131}$ e α_{132}	108
Figura 21	Densidades a posteriori estimadas para os parâmetros: $\alpha_{191}, \alpha_{192}, \alpha_{271}, \alpha_{272}, \alpha_{351}$ e α_{352}	109
Figura 22	Densidades a posteriori estimadas para os parâmetros: $\alpha_{401}, \alpha_{402}, \alpha_{471}$ e α_{472}	110
Figura 23	Densidades a posteriori estimadas para os parâmetros: $\gamma_{21}, \gamma_{22}, \gamma_{41}, \alpha_{42}, \alpha_{51}$ e α_{52}	111
Figura 24	Densidades a posteriori estimadas para os parâmetros: $\gamma_{61}, \gamma_{62}, \gamma_{71}, \alpha_{72}, \alpha_{91}$ e α_{92}	112
Figura 25	Densidades a posteriori estimadas para os escores genotípicos: $\lambda_1^{1/2}\alpha_{21}, \lambda_2^{1/2}\alpha_{22}, \lambda_1^{1/2}\alpha_{91}, \lambda_2^{1/2}\alpha_{92}, \lambda_1^{1/2}\alpha_{131}$ e $\lambda_2^{1/2}\alpha_{132}$	113
Figura 26	Densidades a posteriori estimadas para os escores genotípicos: $\lambda_1^{1/2}\alpha_{191}, \lambda_2^{1/2}\alpha_{192}, \lambda_1^{1/2}\alpha_{271}, \lambda_2^{1/2}\alpha_{272}, \lambda_1^{1/2}\alpha_{351}$ e $\lambda_2^{1/2}\alpha_{352}$	114
Figura 27	Densidades a posteriori estimadas para os escores genotípicos: $\lambda_1^{1/2}\alpha_{401}, \lambda_2^{1/2}\alpha_{402}, \lambda_1^{1/2}\alpha_{471}$ e $\lambda_2^{1/2}\alpha_{472}$	115
Figura 28	Densidades a posteriori estimadas para os escores ambientais: $\lambda_1^{1/2}\gamma_{21}, \lambda_2^{1/2}\gamma_{22}, \lambda_1^{1/2}\gamma_{41}, \lambda_2^{1/2}\gamma_{42}, \lambda_1^{1/2}\gamma_{51}$ e $\lambda_2^{1/2}\gamma_{52}$	116
Figura 29	Densidades a posteriori estimadas para os escores ambientais: $\lambda_1^{1/2}\gamma_{61}, \lambda_2^{1/2}\gamma_{62}, \lambda_1^{1/2}\gamma_{71}, \lambda_2^{1/2}\gamma_{72}, \lambda_1^{1/2}\gamma_{91}$ e $\lambda_2^{1/2}\gamma_{92}$	117

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Descrição dos ambientes onde os experimentos foram conduzidos	49
Tabela 2	Médias a posteriori, desvio padrão (DP), regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para os valores singulares e BLUPs do modelo misto.	80
Tabela 3	Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para os efeitos de genótipos com valores maiores que zero, e componentes da variância.	119
Tabela 4	Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para os efeitos principais de genótipos com valores menores que zero.	120
Tabela 5	Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para os efeitos principais de genótipos que incluem o valor zero em seus intervalos.	121
Tabela 6	Médias a posteriori, Médias corrigidas (LIU, 2001), desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para as coordenadas do primeiro vetor singular genotípico.	122
Tabela 7	Médias a posteriori, Médias corrigidas (LIU, 2001), desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para as coordenadas do segundo vetor singular genotípico.	124
Tabela 8	Médias a posteriori, Médias corrigidas (LIU, 2001), desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para as coordenadas do primeiro vetor singular ambiental.	126
Tabela 9	Médias a posteriori, Médias corrigidas (LIU, 2001), desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para as coordenadas do segundo vetor singular ambiental.	126
Tabela 10	Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para os escores genotípicos relacionados ao primeiro eixo principal.	127

Tabela 11	Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para os escores genotípicos relacionados ao segundo eixo principal.	129
Tabela 12	Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para os escores ambientais relacionados ao primeiro eixo principal.	131
Tabela 13	Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para os escores ambientais relacionados ao segundo eixo principal.	131
Tabela 14	Médias para as coordenadas do vetores singulares genotípicos obtidas por DVS.	132
Tabela 15	Médias para as coordenadas do vetores singulares ambientais obtidas por DVS.	133

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	14
2	REFERENCIAL TEÓRICO	17
2.1	Interação entre genótipos e ambientes	17
2.2	Modelo AMMI	19
2.3	Representação biplot dos escores genotípicos e ambientais . . .	23
2.4	Dados direcionais e distribuições esféricas	29
2.4.1	Distribuição esférica uniforme	31
2.4.2	Distribuição Von Mises-Fisher	33
2.5	Inferência bayesiana	36
2.5.1	Teorema de bayes	37
2.5.2	Incorporação de informação a priori	39
2.5.3	Estimação pontual e regiões de credibilidade	40
2.5.4	Amostrador de Gibbs	43
2.5.5	Abordagem bayesiana para o modelo AMMI	45
3	MATERIAL E MÉTODOS	49
3.1	Material	49
3.2	Métodos	50
3.2.1	Modelo AMMI-Bayesiano	50
3.2.2	Especificação das distribuições a priori para os parâmetros do modelo	51
3.2.3	Distribuições a posteriori condicionais completas para os parâmetros	53
3.2.4	Amostragem a partir das distribuições a posteriori condicionais completas dos parâmetros	60
3.2.5	Estimação dos parâmetros do modelo	66
3.2.6	Regiões de credibilidade para os parâmetros do modelo	67
4	RESULTADOS	70
4.1	Convergência das cadeias de Markov	70
4.1.1	Estimativas pontuais e regiões de credibilidade univariadas para efeitos principais de genótipos e componentes de variância. . .	75
4.1.2	Inferências pontuais e regiões de credibilidade univariadas para os parâmetros da interação	77
4.1.3	Regiões de credibilidade para os escores genotípicos e ambientais referentes aos dois primeiros eixos de interação	83

5	DISCUSSÃO	89
6	CONCLUSÃO	93
	REFERÊNCIAS	94
	ANEXO	101
	APÊNDICE	118

1 INTRODUÇÃO

Em diversas áreas de estudo, interações entre fatores são de grande interesse para o pesquisador. No melhoramento de plantas, a interação entre genótipos e ambientes ($G \times E$) impõe sérias dificuldades para seleção e recomendação dos melhores genótipos. Assim, a busca por métodos estatísticos capazes de captar as informações presentes nesta fonte de variação e explorar vantajosamente seus efeitos, como adaptações de genótipos a ambientes específicos, assume uma importância fundamental no contexto das pesquisas (GAUCH; ZOBEL, 1996). Dentre os diversos procedimentos existentes, o modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI), como descrito por Gauch (1988), ganhou grande espaço e aplicabilidade.

O modelo AMMI incorpora componentes aditivos para os efeitos principais de genótipos e ambientes e componentes multiplicativos para estudar o efeito da interação entre esses dois fatores (causa da não aditividade nos efeitos principais). Dessa forma, é possível isolar o padrão, mais diretamente associado à interação, e descartar uma porção presente na interação (ruído), que não é fortemente determinada por genótipos e ambientes, melhorando a capacidade preditiva do modelo (DUARTE; VENCOSKY, 1999). Esse modelo é parcimonioso, uma vez que os parâmetros de interação são estimados a partir da decomposição por valores singulares da matriz de $G \times E$ e os padrões de resposta podem ser visualizados graficamente usando Biplots (KEMPTON, 1984; ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988).

Dentre as principais questões envolvidas na utilização do procedimento AMMI se destacam a estimação dos parâmetros e a determinação do número de componentes multiplicativos a serem retidos no modelo. O número de parâmetros bilineares (termos multiplicativos) do modelo pode ser determinado por diversos

procedimentos estatísticos dentre os quais se destacam os testes F aproximados (CORNELIUS, 1993; PIEPHO, 1995) e procedimentos computacionais intensivos como a validação cruzada (GAUCH, 1988).

Apesar das vantagens desse modelo para estudar padrões de desempenho de genótipos a diferentes ambientes e fazer previsões a respeito do desempenho médio de genótipos à ambientes específicos, o modelo AMMI, bem como outros modelos lineares-bilineares (CORNELIUS; SEYEDSADR, 1997), possui diversas limitações, dentre as quais se destaca o fato de não existir estatística inferencial para os escores genotípicos e ambientais no gráfico biplot (CROSSA et al., 2011; YANG et al., 2009).

Especificamente no que se refere a encontrar regiões de confiança para os escores genotípicos e ambientais, podem ser ressaltados os trabalhos que envolvem a teoria assintótica (DENIS; GOWER, 1994, 1996; DENIS; PAZMAN, 1999) e os procedimentos que utilizam reamostragem bootstrap como, por exemplo, os propostos por Lavoranti (2003), Lavoranti, Dias e Kraznowski (2007) e Yang et al. (2009). Essas abordagens, entretanto, são baseadas em suposições restritivas como normalidade assintótica ou em processos de reamostragem problemáticos.

Uma alternativa para essas propostas é a abordagem bayesiana (AMMI-Bayesiano) como a apresentada por Crossa et al. (2011). Esses autores implementaram regiões de máxima densidade a posteriori (HPD), para os escores genotípicos e ambientais, a partir de um conjunto de dados provenientes de ensaios multiambientais. Essas regiões foram representadas no biplot referente aos dois primeiros eixos principais, permitindo a identificação de grupos homogêneos de ambientes e genótipos. Além de proporcionar um método natural para a construção das regiões de credibilidade no biplot, a abordagem bayesiana permite a incorporação de informações, como histórico de experimentos, e é flexível o su-

ficiente para lidar com conjunto de dados desbalanceados e com heterogeneidade de variâncias.

Contudo, os métodos bayesianos propostos até o momento, utilizam as mesmas restrições presentes no modelo AMMI tradicional, que considera o genótipo como sendo de efeito fixo, e seria interessante, do ponto de vista genético, uma abordagem na qual o genótipo fosse considerado aleatório. Considerando efeito de genótipo como aleatório, pode-se determinar as componentes de variância e ainda incorporar informações ao modelo tais como matrizes com coeficiente de parentesco. Além disso, tratar genótipo como aleatório conduz a predições mais realistas (SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2005) e permite inferir sobre o valor genotípico das cultivares livres dos efeitos ambientais e não sobre médias fenotípicas que comportam alguma proporção desses efeitos (RESENDE; DUARTE, 2007).

A partir das ideias e limitações consideradas acima, o principal objetivo deste trabalho foi propor regiões de credibilidade para os escores genotípicos e ambientais a serem representadas no gráfico biplot do modelo AMMI com estrutura para efeito de genótipo aleatório, utilizando uma abordagem bayesiana com priori informativa para genótipo.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

Nesta seção, são apresentados os principais aspectos teóricos relacionados à utilização do modelo AMMI, dentro da perspectiva bayesiana. Na subseção 2.1, é apresentado o conceito de interação entre genótipos e ambientes $G \times E$, que se constitui em uma das principais dificuldades em programas de melhoramento e ensaios de cultivares. Na subseção 2.2 é apresentado o procedimento de análise AMMI. Na subseção 2.3, abordam-se os aspectos relacionados à representação biplot dos escores da interação. Na subseção 2.4, apresentam-se os conceitos de dados direcionais e densidades esféricas. Na subseção 2.5, são apresentados os principais conceitos relacionados à inferência Bayesiana. Finalmente, na subseção 2.6 apresentam-se os trabalhos realizados com análise AMMI, sob o enfoque bayesiano, bem como os principais aspectos relacionados a esta abordagem.

2.1 Interação entre genótipos e ambientes

Em programas de melhoramento de plantas existe a busca constante pela seleção e recomendação dos melhores genótipos ou cultivares no que se refere à produtividade, estabilidade de produção e ampla adaptabilidade aos mais variados ambientes (SILVA; DUARTE, 2006). Neste processo, a interação entre genótipos e ambientes $G \times E$ representa um dos maiores desafios aos melhoristas.

Essa interação pode ser percebida pelas respostas diferenciadas de genótipos quando avaliados em diferentes ambientes (ano, local, época de semeadura, entre outros), ou seja, quando os genótipos não possuem performances semelhantes em todos os ambientes de teste (CROSSA; YANG; CORNELIUS, 2004). A interação $G \times E$ representa o principal motivo por que diversos experimentos devam ser conduzidos em vários ambientes, os denominados ensaios multiambien-

tais (*MET - multienvironment trials*) (YAN; KANG, 2003).

Esses ensaios assumem um papel fundamental em programas de melhoramento de plantas, na medida em que contribuem para melhorar a precisão na estimação e na predição de rendimento das cultivares. A partir da análise de dados MET pode-se avaliar a estabilidade de produção e padrão de respostas dos genótipos em ambientes distintos, o que fornece orientação confiável para a seleção dos melhores genótipos (CROSSA, 1990).

Quando a resposta dos genótipos em relação aos diferentes ambientes ocorre sem alteração em suas posições relativas a interação $G \times E$ é denominada simples. Se por outro lado, existe ausência de correlação entre os desempenhos dos genótipos, fazendo com que estes apresentem respostas diferentes, ocasionando alteração na classificação nos diferentes ambientes em que foram avaliados, a interação é dita complexa (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Segundo Yan e Kang (2003) existe a concordância entre pesquisadores de que a interação entre os dois fatores é importante somente quando é significativa e da forma complexa.

Assim, a presença dessa interação acarreta a necessidade pela busca de critérios diferenciados de seleção de genótipos superiores, bem como pela utilização de métodos que permitam a identificação de material de alto potencial genético. Com o estudo da interação $G \times E$ pode se avaliar a adaptabilidade e a estabilidade de genótipos, tendo por base seu rendimento ou outra característica de interesse. Entretanto, para tirar conclusões mais abrangentes sobre os resultados das pesquisas, bem como explorar os efeitos positivos da interação $G \times E$ é preciso dispor de métodos eficazes que sejam capazes de captar tais informações (DUARTE; VENCOSKY, 1999).

Essa interação tem sido modelada à luz de diversos procedimentos envolvendo análises uni e multivariadas. Os métodos multivariados são considerados os

mais indicados para analisar a estabilidade e adaptabilidade fenotípica na opinião de diversos pesquisadores. Crossa (1990) argumenta que a utilização de procedimentos multivariados é importante para explorar informações contidas nos dados e recomenda técnicas como a análise de componentes principais (PCA), análise de agrupamento, análise discriminante e o modelo AMMI, que integra a análise univariada com PCA e vem se destacando e sendo cada vez mais aplicado e discutido na literatura.

2.2 Modelo AMMI

Conforme Gauch (1988), o modelo AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) se configura em um procedimento aplicado à análise de tabela de dupla entrada, incorporando componentes aditivos para os efeitos principais de genótipos e de ambientes e ainda componentes multiplicativos para o efeito da interação entre esses fatores. Esse é um modelo de efeito fixo e foi, originalmente, proposto por Gollob (1968) e Mandel (1969, 1971), possuindo aplicações em diversas áreas de estudo. Nessa abordagem, a resposta média de um genótipo i em um ambiente j (Y_{ij}) é obtida por:

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \delta_j + \sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \varepsilon_{ij} \quad (1)$$

$$\varepsilon_{ij} \sim \mathbb{N}(0, \sigma^2) \quad (2)$$

em que:

μ é uma constante, geralmente a média geral;

τ_i é o efeito do i -ésimo genótipo, $i = 1, \dots, r$, sendo r o número de linhas

(ou genótipos) referentes a tabela com as médias do ensaio;

δ_j é o efeito do j -ésimo ambiente, $j = 1, \dots, c$, sendo c o número de colunas (ou ambientes) referentes a tabela com as médias do ensaio;

λ_k é o k -ésimo valor singular referente a matriz $GE'GE$ ou $GEGE'$, com $k = 1, \dots, t$, $\{t \leq \min(r - 1, c - 1)\}$, sendo t o posto da matriz de interação entre genótipos e ambientes (GE);

α_{ik} é o i -ésimo elemento, relativo ao genótipo i , do k -ésimo vetor singular referente à matriz $GEGE'$;

γ_{jk} é o j -ésimo elemento, relativo ao ambiente j , do k -ésimo vetor singular referente à matriz $GE'GE$;

ε_{ij} é o erro experimental admitido ser identicamente e normalmente distribuído com média zero e variância comum.

Os termos α_{ik} , γ_{jk} e λ_k são referidos como componentes bilineares ou multiplicativos do modelo e resultam da decomposição por valores singulares (DVS) da matriz de interação entre genótipos e ambientes. O modelo AMMI ainda possui as seguintes restrições de:

$$\text{i) identificabilidade } \sum_i \tau_i = \sum_j \delta_j = \sum_i \alpha_{ik} = \sum_j \gamma_{jk} = 0;$$

$$\text{ii) ortonormalização } \sum_i \alpha_{ik} \alpha_{ik'} = \sum_j \gamma_{jk} \gamma_{jk'} = 0 \text{ para } k \neq k' \text{ e ainda } \sum_i \alpha_{ik}^2 = \sum_j \gamma_{jk}^2 = 1;$$

$$\text{iii) } \lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_t.$$

O ajuste do modelo AMMI é realizado em duas etapas. Primeiramente ajustam-se os efeitos principais pelo métodos de mínimos quadrados aplicado à

matriz de médias $Y_{r \times c} = [Y_{ij}]$. A média Y_{ij} referente a combinação entre o i -ésimo genótipo e o j -ésimo ambiente é obtida a partir de l repetições, considerando um conjunto balanceado de dados resultante do ensaio de r genótipos em c ambientes. As soluções de quadrados mínimos referentes às equações normais obtidas, considerando as restrições de identificabilidade, são dadas por:

$$\hat{\mu} = \bar{Y}_{..}; \hat{\tau}_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}; \hat{\delta}_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..} \quad (3)$$

em que,

$$\bar{Y}_{..} = \frac{\sum_{ij} Y_{ij}}{rc}; \bar{Y}_{i.} = \frac{\sum_j Y_{ij}}{c}; \bar{Y}_{.j} = \frac{\sum_i Y_{ij}}{r}. \quad (4)$$

A segunda etapa do ajuste corresponde à DVS da matriz de interações que é obtida como resíduo do ajuste aos efeitos principais pela análise de variância. O desvio relacionado a cada combinação entre genótipo e ambiente é dado pela seguinte expressão:

$$\hat{\varepsilon}_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..} \quad (5)$$

notando que

$$\hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..} \quad (6)$$

$$\hat{\varepsilon}_{ij} = Y_{ij} - \hat{Y}_{ij} \quad (7)$$

A DVS constitui um importante resultado da álgebra matricial e especifica que a matriz $Z = GE$, de dimensão $(r \times c)$, pode ser decomposta da seguinte forma:

$$Z = USV' = \sum_{k=1}^p \lambda_k \alpha_k \gamma_k'; \quad (8)$$

com $p = \min(m, n)$ e $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_p$.

sendo S uma matriz diagonal contendo os valores singulares λ_k , que são as raízes quadradas dos autovalores referentes a matriz $Z'Z$, e as matrizes U e V são matrizes que contém em suas colunas os vetores singulares α_k e γ_k , respectivamente. A expressão (8) especifica ainda que a matriz Z pode ser escrita como a soma de p matrizes de posto unitário. Essa é a propriedade da DVS que determina o desdobramento ortogonal para soma de quadrados da interação genótipos por ambientes $SQ_{G \times E}$. Tomando de forma cumulativa a soma dos sucessivos termos desse desdobramento é possível obter aproximações cada vez melhores para $SQ_{G \times E}$.

A ideia inerente ao modelo não é recuperar toda soma, mas sim uma parte substancial referida como padrão (fatores ambientais e genéticos mais diretamente associados à interação) e descartar uma porção, denominada ruído, que está presente na interação, mas não tem interpretação e nem valor preditivo, considerada a variabilidade geralmente inexplicável entre as repetições, visando a melhorar a capacidade de predição do modelo (GAUCH, 1988; ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988). Assim, pode-se considerar ainda, de acordo com Duarte e Vencovsky (1999), a seguinte expressão:

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \delta_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad (9)$$

O índice k ($k = 1, 2, \dots, t$), referente ao número de termos bilineares, tomado até n no somatório ($n < t$), determina uma aproximação de mínimos quadrados para a matriz pelos n primeiros termos da DVS (GABRIEL, 1978). O termo ρ_{ij} refere-se à soma dos termos de mais alto grau da decomposição

$(\rho_{ij} = \sum_{k=n+1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk})$ e constitui um resíduo adicional na análise que pode ser descartado a partir de algum critério estatístico.

O número de termos bilineares a serem retidos no modelo pode ser determinado por diversos procedimentos. Os métodos mais utilizados são os testes F aproximados como o teste de Gollob (1968) e o teste F_r proposto por Cornelius, Seyedsadr e Crossa (1992) e aqueles baseados em reamostragem via computação intensiva, como o procedimento de validação cruzada (GAUCH, 1988). Existe ainda a possibilidade de utilização de estimadores com efeito de encolhimento “shrinkage” (CORNELIUS; CROSSA, 1999; CORNELIUS; CROSSA; SEYED-SADR, 1996). O procedimento de análise AMMI permite o ajuste de um número pequeno de componentes multiplicativos sem, no entanto, perder o poder explicativo, ou seja, permite a obtenção de um modelo parcimonioso.

2.3 Representação biplot dos escores genotípicos e ambientais

Uma das etapas da análise AMMI (como para outros modelos de análise de tabela de dupla entrada) é a representação dos escores genotípicos e ambientais, relativa aos termos multiplicativos, no mesmo gráfico denominado biplot (GAUCH, 1988; YAN; TINKER, 2006). Os escores, plotados neste gráfico, referem-se às coordenadas dos vetores singulares multiplicados pelos respectivos valores singulares, considerando um fator de escala a ser detalhado mais adiante. O princípio fundamental subjacente ao biplot assenta-se na representação de indivíduos e variáveis de forma simultânea, num espaço de baixa dimensão, de forma a facilitar a observação das relações existentes eles.

O método biplot, proposto por Gabriel (1971), consiste na representação gráfica das linhas e colunas de uma matriz, de forma que todo o elemento da matriz seja exatamente o produto interno dos vetores correspondentes (vetores linha

e coluna). Uma matriz de posto dois ou três pode ser representada de forma exata, enquanto matrizes de maiores dimensões podem ser representadas por aproximações a matrizes de posto dois ou três.

Uma das grandes virtudes de um biplot decorre do fato do produto interno, entre dois vetores, ser de fácil interpretação visual. Essa interpretação é realizada pela observação do comprimento de cada vetor e do sinal do produto interno, que depende apenas do ângulo formado entre eles (GABRIEL, 1971; YAN; KANG, 2003). Tomando, como exemplo, dois vetores \mathbf{x} e \mathbf{y} , como representado na Figura 1 e considerando o ângulo θ determinado por eles, chega-se à conclusão de que o produto escalar desses vetores pode ser dado pelo comprimento da projeção de \mathbf{x} sobre \mathbf{y} , $\|\mathbf{x}\| \cos \theta$, multiplicado pelo comprimento de \mathbf{y} , que é denotado por $\|\mathbf{y}\|$.

$$\mathbf{x}'\mathbf{y} = \|\mathbf{x}\| \|\mathbf{y}\| \cos \theta \quad (10)$$

Como as normas dos vetores são sempre positivas, o sinal do produto escalar dependerá do ângulo θ . Para $\theta < 90$ então $\cos \theta$ é positivo e tem-se o produto escalar positivo. Se por outro lado, $\theta > 90$, caso em que o $\cos \theta$ é negativo, o produto escalar é negativo. No caso particular de $\theta = 90$, como $\cos \theta = 0$, o produto interno será zero.

A propriedade acima, inerente à definição do biplot, é que permite a representação simultânea de dois conjuntos de pontos, graficamente, de acordo com as coordenadas fornecidas pelas matrizes esquerda e direita da decomposição de uma matriz de interesse. Para a obtenção dos marcadores das linhas (indivíduos) e das colunas (variáveis) no biplot, Gabriel (1971) propõe a DVS, que pode ser utilizada para aproximar uma matriz de posto p ($p > 3$) por uma matriz de posto menor (GABRIEL, 1978). Dessa forma, uma matriz Z de dimensões $m \times n$ pode

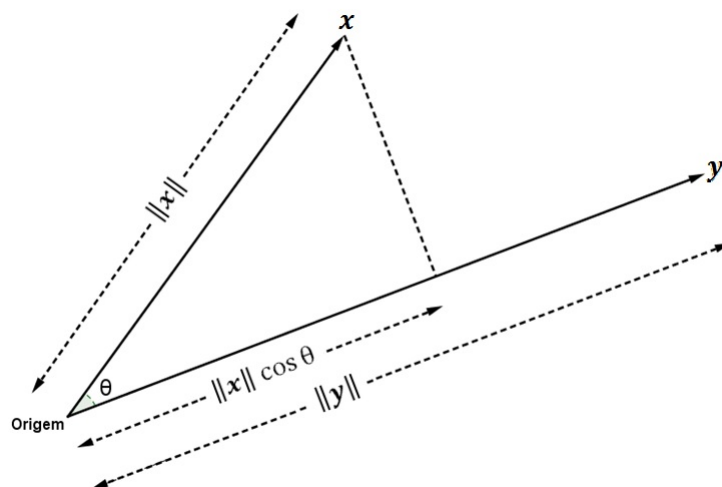


Figura 1 Representação geométrica do produto interno entre dois vetores.
Fonte: Greenacre (2010)

ser fatorada e representada por:

$$Z = USV' = (US^\ell)(S^{1-\ell}V') = AB \quad (11)$$

notando que

$$(US^\ell) = A, (S^{1-\ell}V') = B, (0 \leq \ell \leq 1) \quad (12)$$

Os elementos de cada linha da matriz A e de cada coluna da matriz B representam coordenadas (escores) referentes aos eixos de interação, $\alpha_{ik}^* = \lambda_k^\ell \alpha_{ik}$ e $\gamma_{jk}^* = \lambda_k^{1-\ell} \gamma_{jk}$ para genótipo e ambiente, respectivamente. O fator de partição ℓ , teoricamente, pode assumir qualquer valor entre zero e um, dependendo do interesse de estudo. De acordo com Yan e Kang (2003), para o fator de escala nesse intervalo, a escolha de ℓ não altera as relações entre genótipos e ambientes, embora as aparências dos biplots fiquem diferentes.

Em representações, envolvendo ensaios de plantas, o mais comum é a

construção de biplots em uma ou duas dimensões (KEMPTON, 1984). Para o modelo AMMI o fator de escala utilizado é $\ell = \frac{1}{2}$. Essa partição de ℓ tem a propriedade de que os escores genotípicos e ambientais tenham a mesma unidade (GAUCH, 2006; GAUCH; PIEPHO; ANNICCHIARICO, 2008). Essa situação é ilustrada por Duarte e Pinto (2002), a partir das seguintes expressões:

$$GE = USV' = \underbrace{(US^{1/2})}_{\tilde{U}} \underbrace{(S^{1/2}V')}_{\tilde{V}'} = GH' \quad (13)$$

$$GE = \tilde{U}\tilde{S}\tilde{V}' = \underbrace{(\tilde{U}\tilde{S}^{1/2})}_{\tilde{G}} \underbrace{(\tilde{S}^{1/2}\tilde{V}')}_{\tilde{H}'} = \tilde{G}\tilde{H}' \quad (14)$$

Na expressão (13) a representação é exata, todos os termos multiplicativos estão sendo considerados, ou seja, tem-se o modelo completo. Já a forma expressa em (14) refere-se a um modelo onde, em sentido prático, apenas ($n \leq 3$) termos foram selecionados por algum critério estatístico, como os que foram citados na seção (2.2). Os elementos de cada linha da matriz \tilde{G} e cada coluna de \tilde{H}' representam coordenadas plotadas em relação aos eixos principais (IPCAs) e são denominados marcadores de linhas (efeitos genotípicos) e marcadores de colunas (efeitos de ambientes), respectivamente. As representações, em uma ou duas dimensões, dão origem aos biplots AMMI1, em que os escores são plotados em relação ao IPCA1 e ao eixo das médias, ou AMMI2 em que os escores são plotados no plano determinado pelos eixos IPCA1 e IPCA2.

A princípio, a representação biplot AMMI1 se justifica apenas se a soma de quadrado referente ao primeiro eixo representar uma alta proporção da soma de quadrados total, referentes a todos os eixos de interação. Nessa representação, os escores, em relação ao eixo IPCA1, com valores baixos são considerados estáveis, ou seja, contribuem pouco para a interação. Contudo, para efeito de seleção

ou recomendação, deve-se observar também se o desempenho médio do genótipo (relativo aos efeitos principais) é interessante ou desejável.

Para o biplot AMMI2, os genótipos ou ambientes estáveis são aqueles cujos escores possuem valores baixos relativos a ambos os eixos de interação (IPCA1 e IPCA 2), ou seja, aqueles próximos à origem. Para a interpretação em relação à adaptabilidade devem-se observar os ângulos formados pelos vetores relacionados aos escores genotípicos e ambientais. Ângulos menores que 90° indicam adaptações de genótipos a ambientes específicos, ângulos maiores que 90° indicam combinações desfavoráveis entre genótipos e ambientes, e ângulos de 90° são próprios de genótipos e ambientes que não contribuem para a interação. Assim a representação biplot tem sido intensamente utilizada para a identificação de genótipos e ambientes estáveis, adaptações específicas entre genótipos e ambientes, dentre outros aspectos (SILVA; BENIN, 2012).

Embora a análise biplot se constitua em uma técnica útil para exploração visual de padrões referentes a genótipos e ambientes em dados provenientes de ensaios multiambientais, bem como para extrair informações a respeito da interação $G \times E$, essa técnica possui suas limitações. Como ressaltado por Yang et al. (2009), esse tipo de representação gráfica constitui, simplesmente, uma ferramenta descritiva e não considera nenhuma medida da incerteza relacionada aos escores plotados, ou seja, o modelo AMMI, assim como outros modelos multiplicativos, não possuem estatística inferencial ligada aos parâmetros de interação que compõem a representação biplot.

Essa é uma das principais dificuldades a ser considerada com relação à utilização do modelo AMMI, ou seja, a determinação de regiões de confiança para os escores da interação. Denis e Gower (1994, 1996) e Denis e Pazman (1999) propuseram regiões de confiança assintóticas para os escores genotípicos e am-

bientais. Todavia, como ressaltam Yang et al. (2009) a implementação dessas regiões não é uma tarefa fácil para modelos com mais de dois termos bilineares, exigindo suposições restritivas, como a normalidade assintótica.

Para resolver esse problema Yang et al. (2009) defendem a utilização de um procedimento de reamostragem não paramétrica (bootstrap) para a construção de regiões de confiança para os escores genotípicos segundo o modelo GGE biplot (YAN et al., 2000). Uma abordagem semelhante, para o modelo AMMI, foi proposta por Lavoranti, Dias e Kraznowski (2007) para obter análises gráficas e numéricas, referentes à estabilidade e adaptabilidade fenotípica de progênies de *Eucalyptus grandis*. Maia et al. (2006) utilizou essa mesma metodologia para avaliação de produtividade de grãos de linhagens experimentais de soja. Contudo, essas regiões são obtidas a partir de distribuições empíricas e o processo de reamostragem nas linhas e colunas da matriz de interação pode “destruir” o padrão da interação, caso exista.

Outra possibilidade para a realização de inferência sobre os parâmetros da interação do modelo AMMI é a utilização da análise bayesiana. No contexto bayesiano toda inferência é realizada diretamente da distribuição a posteriori. Todavia para proceder à análise bayesiana é preciso modelar corretamente a situação-problema, atribuindo distribuições a priori apropriadas para os parâmetros de interesse.

A principal dificuldade no que se refere a implementação de análises bayesianas para os modelo AMMI são as bases ortornormais usadas na decomposição por valores singulares que produzem problemas únicos aos pesquisadores (CROSSA et al., 2011). Contudo, Viele e Srinivasan (2000) observaram que em decorrência das restrições de ortonormalidade dos vetores singulares estes poderiam ser considerados como dados direcionais distribuídos em uma esfera unitária

contida em \mathcal{R}^m .

2.4 Dados direcionais e distribuições esféricas

Em diversas áreas do conhecimento, tais como Biologia, Física, Medicina, dentre outras, algumas variáveis estudadas podem ser convenientemente medidas em termos de direções. Um biólogo, por exemplo, pode estar interessado no ângulo de voo de pássaros ou na direção do vento em uma determinada região, bem como em diversas situações, nas quais, as medidas convencionais não são as mais adequadas em relação ao problema estudado. Essas medidas podem ser consideradas em duas, três ou mais dimensões e dão origem aos denominados dados direcionais.

Uma direção aleatória na dimensão p pode ser denotada por um vetor \mathbf{x} onde $\mathbf{x}'\mathbf{x} = 1$, em que \mathbf{x} toma valores na superfície de uma hipersfera denotada por S_p de raio unitário tendo o seu centro na origem (MARDIA; KENT; BIBBY, 1979). Para o caso de $p = 2$, pode-se considerar a variável θ definida por:

$$x = \cos \theta \quad y = \text{sen} \theta; \quad 0 \leq \theta < 2\pi \quad (15)$$

Nesses casos, diz-se que os dados são circulares podendo ser representados por meio de ângulos ou como pontos sobre a circunferência de um círculo de raio unitário no plano, dependendo do sistema de representação adotado. Um ponto P, no plano, pode ser representado como (x, y) no sistema de coordenadas retangulares, como também (r, θ) em termos de suas coordenadas polares.

Para a origem (ponto O) tem-se $r = 0$ e nenhuma direção é indicada, ou seja, θ não está definido (JAMMALAMADAKA; SENGUPTA, 2001). Na Figura 2 um ponto P está representado em função de suas coordenadas retangulares e

polares.

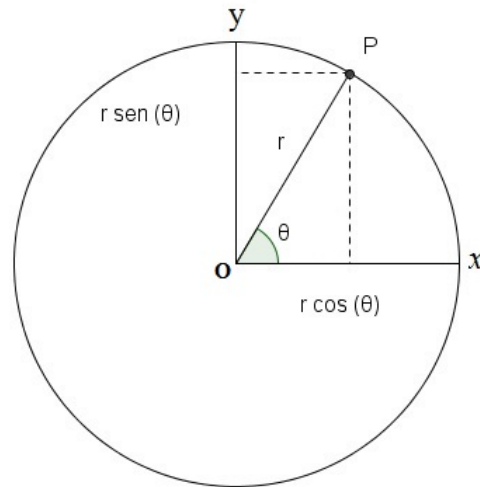


Figura 2 Relação entre coordenadas retangulares e polares.
Fonte: Jammalamadaka e Sengupta (2001)

Assim, cada ângulo (direção) corresponde a um ponto P na circunferência do círculo de raio unitário centrado na origem e, alternativamente, qualquer ponto localizado na circunferência pode ser especificado por uma direção (ângulo).

Para o caso de $p = 3$, tem-se a variável esférica denotada por (θ, ϕ) e definida a partir das seguintes relações:

$$x = \cos\theta, \quad y = \sen\theta\cos\phi, \quad z = \sen\theta\sen\phi \quad (16)$$

$$0 \leq \theta \leq 2\pi; \quad 0 \leq \phi < \pi \quad (17)$$

A Figura 3 corresponde a representação de um ponto P qualquer na superfície de uma esfera em função de suas coordenadas (θ, ϕ) . Pontos em uma esfera de dimensão p , para $(p > 3)$, podem ser obtidos de modo semelhante, embora não seja possível a representação gráfica.

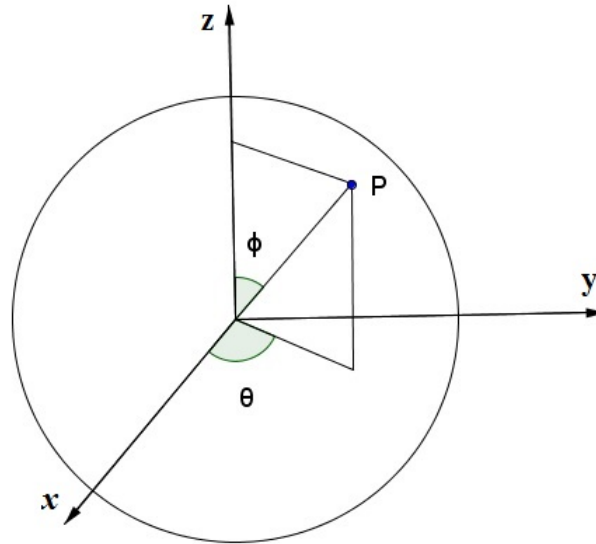


Figura 3 Representação para variável esférica.
 Fonte: Mardia, Kent e Bibby (1979)

Variáveis aleatórias direcionais podem ser descritas por diversas funções, que são denominadas funções esféricas. Serão descritas a seguir as duas distribuições esféricas que têm sido utilizadas para o estudo dos vetores singulares referentes aos efeitos genotípicos e ambientais da interação genótipo \times ambiente na abordagem bayesiana do modelo AMMI.

2.4.1 Distribuição esférica uniforme

Diz-se que um vetor \mathbf{x} no espaço de dimensão p (\mathfrak{R}^p) tem uma distribuição uniforme na esfera p dimensional unitária, se \mathbf{x} é distribuído uniformemente na esfera unitária de dimensão p denotada por (S_p) . A função densidade de probabilidade, segundo Liu (2001), pode ser dada por:

$$f(\mathbf{x}) = \frac{\Gamma\left(\frac{p}{2}\right)}{2\pi^{\frac{p}{2}}}; \quad \mathbf{x} \in S_p \quad (18)$$

em que $\Gamma(\cdot)$ denota a função gamma que é definida, de acordo com Mood, Graybill e Boes (1974), como:

$$\Gamma(l) = \int_0^{\infty} \mathbf{x}^{m-1} e^{-\mathbf{x}} dx; \text{ para } m > 0 \quad (19)$$

tendo as seguintes propriedades:

$$\Gamma(m + 1) = m\Gamma(m);$$

$$\Gamma(n + 1) = n! \text{ sendo } m = n \text{ (} n \text{ um inteiro).}$$

Por efeito de ilustração, consideram-se alguns valores simples para p . É fácil observar que a função densidade de probabilidade acima se reduz a $f(x) = 1/2$ quando $p = 1$ e, nesse caso, a variável aleatória x toma apenas os valores $\{-1, 1\}$ com igual probabilidade. Caso $p = 2$, então $f(\mathbf{x}) = 1/2\pi$, e assim \mathbf{x} é distribuída, uniformemente, na circunferência unitária (S_2) de comprimento 2π . Se por outro lado considerarmos $p = 3$ a função densidade de probabilidade adquire a forma $f(\mathbf{x}) = 1/4\pi$ e, então, \mathbf{x} é igualmente distribuída na esfera de raio unitário (S_3) que tem a superfície de área 4π .

Uma importante propriedade da distribuição uniforme esférica é que ela é invariante sob transformação ortogonal, ou seja, para qualquer matriz ortogonal, H , se $\mathbf{y} \sim U(S_p)$, então, $\mathbf{y} = H(\mathbf{y}) \sim U(S_p)$. Assim, um vetor aleatório uniforme esférico ($p - s$) dimensional pode ser transformado um a um no mesmo vetor aleatório esférico de mesma dimensão em \mathfrak{R}^p (LIU, 2001). Segundo esse autor, o resultado diz que é possível gerar um vetor aleatório esférico $p - s$ dimensional em \mathfrak{R}^p por uma transformação específica de um vetor uniforme esférico em \mathfrak{R}^{p-1} desde que, se saiba, como gerar este último.

2.4.2 Distribuição Von Mises-Fisher

Um vetor aleatório unitário \mathbf{x} tem distribuição p variada von Mises-Fisher se sua função densidade de probabilidade é dada pela expressão:

$$f(\mathbf{x}|\boldsymbol{\mu}, k) = c_p(k) e^{k\boldsymbol{\mu}'\mathbf{x}}; \quad \mathbf{x} \in S_p. \quad (20)$$

Nesta expressão, $\boldsymbol{\mu}$ ($\boldsymbol{\mu}'\boldsymbol{\mu} = 1$) denota a média direcional em relação à variável \mathbf{x} e $k \geq 0$ é denominado de parâmetro de concentração. O parâmetro de concentração caracteriza como os vetores unitários estão concentrados em torno da média direcional $\boldsymbol{\mu}$. A expressão $c_p(k)$ representa a constante de normalização. Se um vetor aleatório \mathbf{x} tem essa distribuição diz-se que ele é distribuído como $M_p(\boldsymbol{\mu}, k)$ ou $VMF(\boldsymbol{\mu}, k)$. Para os casos em que $p = 2$ ou $p = 3$, estas distribuições são denominadas distribuições Von Mises e Fisher, respectivamente. A constante de normalização é dada por:

$$c_p(k) = \frac{k^{(p-1)/2}}{\left\{ (2\pi)^{p/2} I_{(p-1)/2}(k) \right\}} \quad (21)$$

onde $I_r(k)$ é a função Bessel modificada do primeiro tipo e ordem r, podendo ser definida pela fórmula:

$$I_r(k) = \frac{\left(\frac{1}{2}k\right)^r}{\Gamma\left(r + \frac{1}{2}\right) \Gamma\left(\frac{1}{2}\right)} \int_0^\pi e^{\pm k \cos \theta} \sin^{2r} \theta d\theta. \quad (22)$$

No plano, e ainda considerando a representação em coordenadas polares, a variável aleatória circular é dita ter distribuição Von Mises ou Circular Normal (CN) se ela tem função de densidade:

$$f(\theta, \mu, k) = \frac{1}{2\pi I_0(k)} e^{k \cos(\theta - \mu_{\theta_0})}; \quad 0 \leq \theta < 2\pi \quad (23)$$

em que os parâmetros são μ_θ ($0 \leq \mu_\theta < 2\pi$) e k ($k \geq 0$). A expressão $I_0(k)$ na constante de normalização é denominada função Bessel do primeiro tipo e ordem zero, dada por:

$$I_0(k) = \frac{1}{2\pi} \int_0^{2\pi} e^{k \cos \theta} d\theta \quad (24)$$

A distribuição Von Mises-Fisher é simétrica em torno da direção μ (assim como $\mu + \pi$). Outra característica a ser destacada com relação à distribuição Von Mises-Fisher é a sua similaridade em relação a distribuição normal (JAMMALAMADAKA; SENGUPTA, 2001). O resultado a seguir mostra que tomando a distribuição conjunta de duas variáveis aleatórias independentes e normalmente distribuídas com variância comum, a distribuição condicional a circunferência do círculo de raio unitário, com o centro na origem, é $M_2(\mu, k)$.

Sejam duas variáveis aleatórias independentes $X \sim N(m, \sigma^2)$ e $Y \sim N(d, \sigma^2)$. Consideremos a transformação de coordenadas retangulares para polares:

$$x = r \cos(\theta), \quad y = r \sin(\theta) \quad (25)$$

$$m = t \cos(\mu), \quad d = t \sin(\mu) \quad (26)$$

O jacobiano da transformação é dado por:

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial x}{\partial r} & \frac{\partial x}{\partial \theta} \\ \frac{\partial y}{\partial r} & \frac{\partial y}{\partial \theta} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos \theta & -r \sin \theta \\ \sin \theta & r \cos \theta \end{bmatrix} = r \quad (27)$$

Então para $\theta \in [0, 2\pi[$ tem-se:

$$f_{\Theta,R}(\theta, r) = r f_{X,Y}(r \cos \theta, r \sin \theta)$$

$$f_{\Theta,R}(\theta, r) = \frac{r}{2\pi\sigma^2} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma^2} \left[(r \cos \theta - t \cos \mu)^2 + (r \sin \theta - t \sin \mu)^2 \right] \right\}$$

$$f_{\Theta,R}(\theta, r) = \frac{r}{2\pi\sigma^2} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma^2} \left[r^2 + t^2 - 2rt(\cos \theta \cos \mu + \sin \theta \sin \mu) \right] \right\}$$

considerando a identidade trigonométrica $\cos \theta \cos \mu + \sin \theta \sin \mu = \cos(\theta - \mu)$,

$$f_{\Theta,R}(\theta, r) = \frac{r}{2\pi\sigma^2} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma^2} \left[r^2 + t^2 - 2rt \cos(\theta - \mu) \right] \right\}$$

Então para $r = 1$ tem-se

$$f_{\Theta,R}(\theta|r=1) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma^2} \left[1 + t^2 - 2t \cos(\theta - \mu) \right] \right\}$$

e para $t = 1$

$$f_{\Theta,R}(\theta|r=1) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma^2} \left[2 - 2 \cos(\theta - \mu) \right] \right\}$$

$$p(x, y|m, d, I\sigma^2) \propto \exp \{k \cos(\theta - \mu)\} \quad (28)$$

assim $\theta|r=1 \sim VMF(\mu, K)$, em que $k = \frac{1}{\sigma^2}$.

Considerando uma variável aleatória com distribuição normal multivariada, $\mathbf{x} \sim N_p(\boldsymbol{\mu}, \sigma^2 I)$, condicionada $\|\mathbf{x}\| = 1$, é possível demonstrar que essa distribuição é $M_p(\boldsymbol{\mu}, k)$.

$$\begin{aligned}
f_{\mathbf{x}}(\mathbf{x}|\boldsymbol{\mu}, \sigma^2 I) &= \frac{1}{(2\pi)^{\frac{p}{2}} |\sigma^2 I|^{\frac{1}{2}}} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma^2} (\mathbf{x} - \boldsymbol{\mu})' (\mathbf{x} - \boldsymbol{\mu}) \right\} \\
f_{\mathbf{x}}(\mathbf{x}|\boldsymbol{\mu}, \sigma^2 I) &= \frac{1}{(2\pi)^{\frac{p}{2}} |\sigma^2 I|^{\frac{1}{2}}} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma^2} (\mathbf{x}'\mathbf{x} + \boldsymbol{\mu}'\boldsymbol{\mu} - 2\mathbf{x}'\boldsymbol{\mu}) \right\} \\
f_{\mathbf{x}}(\mathbf{x}|\boldsymbol{\mu}, \sigma^2 I) &= \frac{1}{(2\pi)^{\frac{p}{2}} |\sigma^2 I|^{\frac{1}{2}}} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma^2} (1 + 1 - 2\mathbf{x}'\boldsymbol{\mu}) \right\} \\
p(\mathbf{x}|\boldsymbol{\mu}, \sigma^2 I) &\propto \exp \{ k\mathbf{x}'\boldsymbol{\mu} \}; \quad k = \frac{1}{\sigma^2} \tag{29}
\end{aligned}$$

A distribuição Von Mises-Fisher também goza da propriedade de que sob transformação ortogonal, se um vetor \mathbf{x} tem distribuição Von Mises-Fisher, o vetor $\mathbf{x}^* = A\mathbf{x}$ é novamente distribuído com $M_p(A\mathbf{x}, k)$ (MARDIA; JUPP, 2000).

2.5 Inferência bayesiana

A interpretação clássica ou frequentista de probabilidade fundamenta-se na ideia de espaço amostral equiprovável. Nesse sentido, a probabilidade de um acontecimento pode ser entendida como o quociente entre o número de casos favoráveis e o número de casos possíveis, ou seja, a probabilidade pode ser medida observando a frequência relativa numa sucessão numerosa de provas ou experiências, consideradas idênticas e independentes e os parâmetros, embora desconhecidos, são considerados como quantidades fixas.

Na perspectiva bayesiana, as quantidades desconhecidas envolvidas no modelo, são consideradas variáveis aleatórias (não observáveis). A distribuição conjunta a posteriori representa todo conhecimento a respeito do fenômeno inves-

tigado, e sintetiza as informações que se tem antes da realização do experimento com as informações obtidas a partir dos dados experimentais.

A abordagem bayesiana é considerada, conceitualmente, uma metodologia mais simples para o processo de inferência e oferece diversas vantagens em relação à perspectiva frequentista convencional. Bolstad (1943) destaca diversas vantagens relacionadas aos procedimentos bayesianos, dentre as quais podem ser citadas:

- i) A abordagem bayesiana permite declarações de probabilidade diretas sobre os parâmetros, já que estes são considerados como variáveis aleatórias;
- ii) Na metodologia bayesiana o teorema de Bayes é utilizado em todas as situações. Isso contrasta com os procedimentos que exigem diversas ferramentas frequentistas;
- iii) Métodos bayesianos, muitas vezes, superam os métodos frequentistas, mesmo quando julgados por critérios frequentistas;

A ferramenta utilizada para fazer a conexão entre os conhecimentos anteriores à realização do experimento e as informações dos dados experimentais é o Teorema de Bayes, que é visto como um dos poucos resultados da matemática que caracterizam a aprendizagem com a experiência, ou seja, a modificação da atitude inicial depois da observação dos dados obtidos por meio da experiência (PAULINO; TURKMAN; MURTEIRA, 2003).

2.5.1 Teorema de bayes

Seja $\mathbf{y}' = (y_1, \dots, y_n)$ um vetor de n observações, com distribuição de probabilidade $p(\mathbf{y}|\boldsymbol{\theta})$ sendo $\boldsymbol{\theta}' = (\theta_1, \dots, \theta_k)$. Suponhamos ainda que $\boldsymbol{\theta}$ tenha uma distribuição de probabilidade $p(\boldsymbol{\theta})$. A distribuição conjunta de \mathbf{y} e $\boldsymbol{\theta}$ satisfazem as seguintes relações:

$$p(\mathbf{y}|\boldsymbol{\theta}) p(\boldsymbol{\theta}) = p(\mathbf{y}, \boldsymbol{\theta}) = p(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y}) p(\mathbf{y}). \quad (30)$$

De acordo com o teorema de Bayes, a distribuição condicional de $\boldsymbol{\theta}$ pode se escrita como:

$$p(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y}) = \frac{p(\mathbf{y}|\boldsymbol{\theta})p(\boldsymbol{\theta})}{p(\mathbf{y})}, \quad (31)$$

em que

$$p(\mathbf{y}) = E[p(\mathbf{y}|\boldsymbol{\theta})] = c^{-1} = \begin{cases} \int_{\Theta} p(\mathbf{y}|\boldsymbol{\theta}) p(\boldsymbol{\theta}) d\boldsymbol{\theta}; & \boldsymbol{\theta} \text{ contínuo} \\ \sum_{\Theta} p(\mathbf{y}|\boldsymbol{\theta}) p(\boldsymbol{\theta}); & \boldsymbol{\theta} \text{ discreto} \end{cases} \quad (32)$$

Por fim pode-se considerar a expressão do teorema de bayes como:

$$p(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y}) = cp(\mathbf{y}|\boldsymbol{\theta}) p(\boldsymbol{\theta}) \quad (33)$$

Nessa expressão, $p(\boldsymbol{\theta})$ trás a informação acerca de $\boldsymbol{\theta}$ sem que se tenha o conhecimento das informações dos dados experimentais, sendo, portanto designada como distribuição a priori de $\boldsymbol{\theta}$. Por sua vez, $p(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y})$ traz a informação de $\boldsymbol{\theta}$ disponibilizada pelos dados referentes ao experimento realizado ou à observação do fenômeno considerado. A quantidade c é uma constante em relação $\boldsymbol{\theta}$ (constante normalizadora) necessária para assegurar que o resultado da integração em $p(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y})$ seja um (BOX; TIAO, 1973).

Como a análise é condicionada pelo valor de \mathbf{y} (fixo) observado e $\boldsymbol{\theta}$ variando sobre o espaço de parâmetros Θ , o fator $p(\mathbf{y}|\boldsymbol{\theta})$ indentifica-se com a função de verossimilhança denotada por $L(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y})$ e desta forma pode-se escrever:

$$p(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y}) \propto L(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y}) p(\boldsymbol{\theta}) \quad (34)$$

Na expressão (34) o sinal de igualdade foi substituído por \propto (proporcionalidade) que significa que a posteriori é igual ao produto da verossimilhança pela priori, a menos de uma constante. Toda inferência sobre quantidades desconhecidas, deverá ser realizada utilizando $p(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y})$ que é a distribuição a posteriori e possui toda informação disponível sobre o vetor de parâmetros $\boldsymbol{\theta}$.

2.5.2 Incorporação de informação a priori

Uma das etapas na metodologia bayesiana é a atribuição de distribuições a priori relativas às quantidades desconhecidas no modelo. Diante de uma informação relativamente substancial a respeito de um determinado parâmetro de interesse o pesquisador, segundo a abordagem bayesiana, deve tentar interpretar essa informação por meio de uma distribuição a priori subjetiva recorrendo a algum procedimento. Existem diversos métodos que podem ser utilizados para a obtenção dessa distribuição, tais como o método do histograma, método da verossimilhança restrita, método preditivo de eliciação, dentre outros (PAULINO; TURKMAN; MURTEIRA, 2003).

Quando não se tem informações a respeito do parâmetro (ignorância a priori) diz-se que a distribuição a priori é não informativa. Nestes casos, a aplicação do formalismo bayesiano é realizada por meio de uma distribuição que traduza, da forma mais fiel possível, esse estado de ignorância a priori. Nestas situações, tem-se como propostas o Princípio da Razão Insuficiente de Bayes -Laplace que considera a mesma probabilidade para todas as quantidades envolvidas no estudo (priori uniforme) e o método de Jeffreys que utiliza a medida da informação de Fisher (GELMAN et al., 2003).

Contudo, o conceito mais utilizado, se tratando de atribuição de densidades a priori, é o de família conjugada. Nessa abordagem, impõe-se que a família de distribuições a priori H seja fechada sob amostragem de $F = \{f(y|\theta) : \theta \in \Theta\}$ sendo F a família de distribuições considerada como modelo da situação prática abordada. Diz-se então, que a Família H é conjugada de F e representa-se da seguinte forma:

$$h(\theta) \in H \Rightarrow h(\theta|y) \propto h(\theta)f(y|\theta) \in H. \quad (35)$$

Esse método permite uma maior facilidade, já que, as informações, antes da realização do experimento, podem ser incorporadas apenas atribuindo valores convenientes aos hiperparâmetros da distribuição a priori. Como as distribuições a priori e a posteriori pertencem à mesma classe de distribuições, a atualização do conhecimento, pelo teorema de Bayes, também envolve apenas alterações nos hiperparâmetros. No caso da distribuição normal, por exemplo, média zero e valores altos para variância permitem a obtenção de prioris aproximadamente não informativas (CROSSA et al., 2011). O conceito de família conjugada é matematicamente interessante, na medida em que se pode garantir que a distribuição a posteriori segue uma forma paramétrica conhecida.

2.5.3 Estimação pontual e regiões de credibilidade

Como relatado anteriormente, na perspectiva bayesiana toda quantidade desconhecida no modelo é considerada uma variável aleatória e o processo de inferência é baseado fundamentalmente na distribuição conjunta a posteriori.

As estimativas mais utilizadas na abordagem bayesiana para um determinado parâmetro θ são a média a posteriori, a moda a posteriori e a mediana a posteriori, conforme a natureza do problema abordado ou a função perda esperada

$L(\theta, a)$ a ser considerada. Em uma análise bayesiana utiliza-se a priori $p(\theta)$ para calcular o risco médio, conhecido como risco de Bayes:

$$\int_{\Theta} R(\theta, \delta) p(\theta) d\theta \quad (36)$$

O estimador que produz o menor risco é chamado de regra de Bayes com relação a uma priori $p(\cdot)$, sendo, normalmente, denotado por δ^B (CASELLA; BERGER, 2011). Para a perda erro quadrático médio, a perda esperada a posteriori é definida da seguinte forma:

$$\int_{\Theta} (\theta - a)^2 p(\theta|y) d\theta = E[(\theta - a)^2 | Y = y] \quad (37)$$

sendo θ com distribuição $p(\theta|y)$, o valor esperado é minimizado por $\delta^B(y) = E(\theta|y)$, ou seja, a regra de bayes é a média a posteriori:

$$E[\theta|y] = \int_{\Theta} \theta p(\theta|y) d\theta. \quad (38)$$

Para a função em perda zero-um, definida por:

$$L(a, \theta) = \begin{cases} 1 & \text{se } |a - \theta| > \epsilon \\ 0 & \text{se } |a - \theta| < \epsilon \end{cases} \quad (39)$$

com $\epsilon > 0$, a regra de bayes, ou estimador de bayes, é a moda da distribuição a posteriori $\hat{\theta}$ de tal forma que:

$$P(\hat{\theta}|y) = \max_{\theta \in \Theta} p(\theta|y) = \max_{\theta \in \Theta} \{p(\theta)L(\theta|y)\}; \quad (40)$$

Por fim, para a função perda em erro absoluto $L(\theta, a) = |a - \theta|$, a perda esperada a posteriori é dada por $E(|\theta - a| | Y = y)$. Essa expressão é minimi-

zada, escolhendo $\delta^B(y)$ como sendo a mediana $p(\theta|y)$ que satisfaz a seguintes condições:

$$P\{\theta \geq \hat{\theta}|y\} \geq \frac{1}{2} \text{ e } P\{\theta \leq \hat{\theta}|y\} \geq \frac{1}{2}. \quad (41)$$

Resumos, a posteriori, mais substanciais que estimativas pontuais são obtidos por meio de conjuntos ou intervalos de valores no espaço paramétrico. Estimativas intervalares bayesianas para um parâmetro θ possui um papel semelhante aos intervalos de confiança na abordagem frequentista. No contexto bayesiano, eles são denominados de intervalos ou regiões de credibilidade. Para $0 < \alpha < 1$, a um nível de $100(1 - \alpha)\%$, um intervalo de credibilidade para o parâmetro é definido como o subconjunto $C \subset \Theta$ tal que:

$$p\{C|Y = y\} = 1 - \alpha \quad (42)$$

Considerando θ como sendo uma variável aleatória contínua, e $\theta^{(1)}$, $\theta^{(2)}$ sendo $100\alpha_1$ e $100(1 - \alpha_2)$ quantis de θ , respectivamente. Então $[\theta^{(1)}, \theta^{(2)}]$ representa um intervalo com um nível de credibilidade $\alpha_1 + \alpha_2 = \alpha$. Geralmente se usam intervalos tais que $\alpha_1 = \alpha_2 = \alpha/2$ (GHOSH; DELAMPADY; SAMANTA, 2006).

Contudo, em muitas situações não existe a necessidade de determinar um limite especial de interesse e, sim, determinar um intervalo em que a maior parte dos valores assumidos pela variável aleatória está concentrada. Esse tipo de intervalo é denominado de região de credibilidade com densidade a posteriori máxima (região HPD).

Segundo Box e Tiao (1973), uma região R no espaço paramétrico de θ é denominada HPD, com grau de credibilidade $(1 - \alpha)$ se satisfaz as seguintes

condições:

a) $P(\theta \in R|y) = (1 - \alpha)$,

b) Para $\theta_1 \in R$ e $\theta_2 \notin R$, $\pi(\theta_1|y) \geq \pi(\theta_2|y)$.

Essa definição específica que dado um nível de credibilidade $(1 - \alpha)$ a região HPD tem o menor volume possível no espaço paramétrico de θ e ainda que qualquer valor para θ incluído na região HPD tem densidade maior ou igual a qualquer valor do parâmetro que não esteja incluído no intervalo. Intervalos bayesianos possuem a vantagem de fazer declarações diretamente sobre a dispersão do parâmetro, diferentemente da abordagem clássica em que o intervalo é tratado como aleatório.

2.5.4 Amostrador de Gibbs

O método bayesiano para inferência, frequentemente envolve integrações de funções no espaço n dimensional, na maioria dos casos, intratáveis analiticamente. Para contornar esse problema existem diversos procedimentos, dentre os quais se destacam os Métodos de Monte Carlo via cadeias de Markov (MCMC). Uma cadeia de Markov é uma sequência de variáveis aleatórias $(\theta^1, \theta^2, \dots)$ em que para qualquer t , a distribuição de θ^t , dados todos os θ anteriores, depende apenas do valor mais recente (θ^{t-1}) (GELMAN et al., 2003).

Dentre os métodos envolvendo técnicas de MCMC, o amostrador de Gibbs vem sendo o mais comumente empregado quando as distribuições condicionais completas permitem amostragem direta. O amostrador de Gibbs fornece um processo iterativo para geração de sucessivas amostras das distribuições condicionais completas. Gamerman e Lopes (2006) apresentam uma descrição deste procedimento.

Seja $\theta^0 = (\theta_1^0, \dots, \theta_d^0)$ um valor arbitrário inicial para o vetor θ . A j -ésima iteração referente a cadeia de Markov é obtida pelo seguinte algoritmo:

1. Inicializar o contador de iteração de cada $j=1$ e o conjunto de valores iniciais $\theta^0 = (\theta_1^0, \dots, \theta_d^0)$;

2. Obter um novo valor $\theta^j = (\theta_1^j, \dots, \theta_d^j)'$ de θ^{j-1} através de sucessivas gerações dos valores:

$$\theta_1^j \sim p\left(\theta_1 | \theta_2^{(j-1)}, \dots, \theta_d^{(j-1)}\right),$$

$$\theta_2^j \sim p\left(\theta_2 | \theta_1^{(j)}, \dots, \theta_d^{(j-1)}\right),$$

$$\theta_d^j \sim p\left(\theta_d | \theta_1^{(j)}, \dots, \theta_{d-1}^{(j-1)}\right).$$

3 Mudar o contador de j para $j + 1$ e repetir o passo 2 até a convergência.

Quando a convergência é alcançada, o valor resultante θ^j é uma amostra de p . À medida que o número de iterações aumenta, a distribuição de transição se aproxima do seu estado de equilíbrio e a convergência é assumida de forma aproximada. O amostrador de Gibbs explorando as distribuições condicionais completas através de algoritmo iterativo foi proposto inicialmente por Geman e Geman (1984) no contexto de reconstrução de imagens e posteriormente utilizado por Gelfand e Smith (1990) para simulação de distribuições a posteriori.

2.5.5 Abordagem bayesiana para o modelo AMMI

Viele e Srinivasan (2000) foram os primeiros a desenvolver um método bayesiano para estimação de parâmetros no Modelo AMMI. Para tanto utilizaram técnicas de MCMC (Monte Carlo via Cadeias de Markov) através do amostrador de Gibbs com a incorporação de subcadeias obtidas pelo algoritmo Metropolis - Hastings. Nessa abordagem, foi utilizado o modelo AMMI com as mesmas restrições do enfoque tradicional. Para atender às restrições do modelo, foram atribuídas distribuições normais truncadas aos valores singulares $\lambda_k \sim N^+(\mu_\lambda, \sigma_\lambda^2)$, visto que esses parâmetros devem ter valores positivos e ainda satisfazerem a condição de que $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_k \geq \dots \geq \lambda_t$, com t sendo o posto da matriz de interação entre genótipos e ambientes.

Para os parâmetros α_k e γ_k foram atribuídas distribuições esféricas uniformes no subespaço corrigido. A atribuição de distribuições esféricas é justificada pelo fato de esses vetores terem restrição de norma unitária e assim, poderem ser considerados como variáveis aleatórias tomando valores na superfície de uma hipersfera, ou seja, podem ser caracterizados como dados direcionais. Outro argumento a ser considerado é que a densidade uniforme esférica pode ser obtida a partir da densidade normal padrão se os vetores forem restringidos a terem norma unitária, como demonstra Liu (2001). O objetivo, ao atribuir a distribuição uniforme esférica, especificamente, é assumir uma informação vaga a respeito dos parâmetros em questão (priori não informativa).

A expressão “espaço corrigido” indica que os autovetores são distribuídos em uma esfera unitária $S_{(p-t)}$ contida em \mathfrak{R}^p , em decorrência da restrição de ortogonalidade, para $p = r$ (no caso dos vetores relacionados aos genótipos) e $p = c$ (para vetores relacionados aos ambientes). Isso significa que os vetores possuem coordenadas zero (origem) em relação a determinados vetores na base em que es-

tão sendo considerados e, portanto, são vetores $p - t$ dimensionais no espaço de dimensão p . O vetor α_k , por exemplo, é distribuído na esfera $S_{(r-t)}$ contida em \mathfrak{R}^r , ou seja, α_k é ortogonal aos demais $t - 1$ vetores genotípicos e também aos vetor $\mathbf{1}_r$ no espaço de dimensão r . O suporte para amostrar os vetores não é trivial e Viele e Srinivasan (2000) desenvolveram um método para conduzir a amostragem. A forma encontrada foi amostrar os vetores singulares a partir da distribuição esférica unitária no espaço corrigido $\mathfrak{R}^{(p-t)}$, onde não existem restrições, e depois transformá-los em vetores com correto suporte em \mathfrak{R}^p . Para a realização desse procedimento, foram construídas bases ortonormais, convenientes, utilizando o processo de ortonormalização de Gram-Schmidt.

Liu (2001), utilizando as mesmas distribuições a priori propostas por Viele e Srinivasan (2000), desenvolveu um conjunto de distribuições condicionais para os parâmetros do modelo de forma que a amostragem pode ser conduzida utilizando apenas o amostrador de Gibbs. Segundo o autor, esse método evita a utilização do algoritmo Metropolis-Hastings reduzindo tempo computacional e tornando o algoritmo mais estável. A distribuição condicional a posteriori obtida para os vetores singulares é a Von Mises-Fisher, tal como descrita na seção (2.4).

De forma semelhante àquela considerada para a distribuição uniforme esférica, os parâmetros α_k e γ_k possuem distribuição Von Mises-Fisher em um subespaço restrito em \mathfrak{R}^p em decorrência da restrição de ortonormalidade desses vetores. Similar ao que foi considerado para a distribuição uniforme esférica, para amostrar desses parâmetros, pode-se conduzir uma amostragem a partir da esfera unitária em $\mathfrak{R}^{(p-t)}$ e transformar o vetor para o suporte correto em \mathfrak{R}^p .

Crossa et al. (2011) propuseram uma abordagem bayesiana com notação vetorial para inferência sobre os parâmetros do modelo. Nesta pesquisa são implementadas regiões de máxima densidade a posteriori (HPD) para os termos da

interação do modelo “AMMI-bayesiano” representadas no biplot dos dois primeiros eixos de interação. De acordo com os referidos autores, essas regiões oferecem uma inferência estatística sobre os parâmetros bilineares permitindo identificar grupos homogêneos de ambientes e genótipos no que se refere ao efeito da interação.

Perez-Elizalde, Jarquin e Crossa (2011) generalizaram a notação vetorial, para o modelo AMMI, para uma notação matricial, utilizando a distribuição de Von Mises-Fisher como priori sobre o conjunto de matrizes ortonormais, cujos termos são os coeficientes bilineares dos vetores singulares. Essa nova abordagem, permite a incorporação de informação a priori de forma mais simples e intuitiva, pois basta que o experimentador expresse suas crenças sobre as médias a priori em uma matriz Y_0 e sobre os efeitos lineares do modelo. Ainda, conforme esses autores, as informações a priori relativas aos parâmetros bilineares são incorporadas pelas matrizes resultantes da decomposição por valores singulares da matriz de interação entre genótipos e ambientes Z_0 , que, por sua vez, é obtida como ajuste dos efeitos principais da matriz de média por quadrados mínimos ordinários (OLS). O método foi exemplificado pela avaliação de dados MET referentes a dois anos consecutivos, utilizando informações do primeiro ano para elicitar prioris para o segundo ano.

As abordagens bayesianas para o modelo AMMI, ressaltadas acima, utilizam as mesmas restrições do modelo AMMI convencional para efeitos fixos. Nesta dissertação, o modelo AMMI será abordado em uma perspectiva bayesiana considerando um modelo aleatório para genótipos. Para tanto, será atribuído priori não informativa para o efeito de ambientes e priori informativa para o efeito de genótipos, o que se assemelha a ajustar um modelo misto no paradigma frequentista. Apesar de que, sob a ótica bayesiana, todos os parâmetros sejam considerados

variáveis aleatórias, a atribuição de uma priori completamente não informativa é análoga a ajustar um efeito como fixo no paradigma frequentista tradicional, por outro lado a atribuição de uma distribuição a priori informativa pode ser considerada análoga ao caso de efeito aleatório em modelos mistos (CROSSA et al., 2011; VIELE; SRINIVASAN, 2000).

A abordagem AMMI-bayesiano possui diversas vantagens quando comparadas aos métodos convencionais para efeito fixo. Procedimentos Bayesianos permitem utilização de informações a respeito do fenômeno estudado, como histórico de experimentos e parentesco, que podem ser incorporados à análise por meio de distribuições a priori apropriadas. Além disso, fornece um método fácil para lidar com dados desbalanceados e heterogeneidade de variâncias (CROSSA et al., 2011; VIELE; SRINIVASAN, 2000).

3 MATERIAL E MÉTODOS

Nesta seção, serão apresentados o material experimental utilizado neste trabalho e os métodos que nortearam as análises realizadas.

3.1 Material

Os dados utilizados neste trabalho, para exemplificação do método proposto, referem-se a 55 híbridos de milho avaliados em 9 ambientes distintos no ano agrícola de 2005/06. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições, sendo a parcela constituída de duas linhas de 3,0 m de comprimento com densidade populacional, após desbaste de 55.000 plantas por hectare. A variável considerada foi a produtividade de espigas em $t\ ha^{-1}$.

Esses dados são os mesmos estudados por Machado et al. (2008). Os ambientes em que os experimentos foram realizados podem ser visualizados na Tabela 1.

Tabela 1 Descrição dos ambientes onde os experimentos foram conduzidos

Ambiente	Município	Latitude	Longitude
A1 - Área Exp. DBI/UFLA	Lavras, MG	21°13'S	44°58'W
A2 - Área Exp. Geneze	Guarda-Mor, MG	17°34'S	47°08'W
A3 - Área Exp. Bionacional	Barreiras, BA	12°13'S	45°00'W
A4 - Área Exp. Prezzotto	Jussara, GO	23°35'S	52°58'W
A5 - Fazenda Vitorinha	Lavras, MG	21°13'S	44°58'W
A6 - Área Exp. Coopadap	São Gotardo, MG	21°13'S	46°03'W
A7 - Fazenda Faepe	Ijaci, MG	21°13'S	44°56'W
A8 - Fazenda Faepe	Ijaci, MG	21°09'S	44°56'W
A9 - Fazenda Mato Dentro	Lavras, Mg	21°13'S	45°03'W

Fonte: Machado et al. (2008)

3.2 Métodos

A abordagem será realizada sob o enfoque bayesiano que, em geral, segue os seguintes passos: atribuição das funções de densidades a priori para os parâmetros do modelo formulado; especificação da função de verossimilhança para o vetor de observações; obtenção da distribuição conjunta a posteriori para os parâmetros via teorema de Bayes e obtenção das distribuições condicionais completas a posteriori para os parâmetros, que serão utilizadas para o processo de inferência.

3.2.1 Modelo AMMI-Bayesiano

O vetor \mathbf{y} contendo $n = lr$ respostas fenotípicas, sendo r o número de genótipos e $l = bc$ o número de repetições obtidas pelo confundimento dos efeitos de blocos e ambientes em que b e c são os números de blocos e ambientes, respectivamente, no modelo AMMI, pode ser expresso como

$$\mathbf{y} = X\boldsymbol{\beta} + Z\mathbf{g} + \sum_{k=1}^t \lambda_k \text{diag}(Z\boldsymbol{\alpha}_k)X\boldsymbol{\gamma}_k + \boldsymbol{\varepsilon} \quad (43)$$

em que $\boldsymbol{\beta}_{l \times 1}$ e $\mathbf{g}_{r \times 1}$ são os vetores contendo os parâmetros de efeitos principais de blocos e ambientes (confundidos), e efeitos principais de genótipos, respectivamente. Os termos λ_k , $\boldsymbol{\alpha}_k$ e $\boldsymbol{\gamma}_k$ são os k -ésimos valores singulares e vetores singulares relacionados a genótipos e ambientes, respectivamente, com $k = 1, \dots, t$; sendo $t = \min(r, c)$, o posto da matriz de interação entre genótipos e ambientes $GE_{r \times c}$. As matrizes $X_{n \times l}$ e $Z_{n \times r}$ são matrizes de delineamento associadas aos vetores $\boldsymbol{\beta}$ e \mathbf{g} . O vetor $\boldsymbol{\varepsilon}_{n \times 1}$ contém os efeitos dos erros aleatórios, com $\boldsymbol{\varepsilon} \sim N_n(\mathbf{0}, \sigma_e^2 I)$.

Nesse modelo, têm-se as restrições de que $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_t \geq 0$, ou seja, de que os valores singulares sejam positivos e em ordem decrescente de

magnitude, além da restrição de ortonormalidade em relação aos vetores singulares γ_k e α_k .

A distribuição condicional dos dados tem densidade normal multivariada $\mathbf{y}|\alpha, \gamma, \lambda, \mathbf{g}, \beta, \sigma_e^2 \sim N(\boldsymbol{\theta}, I_n \sigma_e^2)$. Em que I_n é a matriz identidade, $\boldsymbol{\theta} = X\beta + Z\mathbf{g} + \sum_{k=1}^t \lambda_k \text{diag}(Z\alpha_k)X\gamma_k$ e σ_e^2 é a variância residual.

3.2.2 Especificação das distribuições a priori para os parâmetros do modelo

As distribuições a priori para os parâmetros do modelo serão as seguintes:

$$\beta|\mu_\beta, \sigma_\beta^2 \sim N(\mu_\beta, I_l \sigma_\beta^2), \sigma_\beta^2 \rightarrow \infty$$

$$\beta \sim \text{constante};$$

$$\mathbf{g}|\mu_g, \sigma_g^2 \sim N(0, I_r \sigma_g^2);$$

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

$$\lambda_k|\mu_{\lambda_k}, \sigma_{\lambda_k}^2 \sim \text{constante};$$

$$\alpha_k \sim \text{uniforme esférica no subespaço corrigido};$$

$$\gamma_k \sim \text{uniforme esférica no subespaço corrigido};$$

$$\sigma_g^2 \sim \text{inv - escalada} - \chi^2(v_g, S_g^2), \text{ considerando } v_g = 0 \text{ e } S_g^2 = 0 \text{ a distribuição a priori reduz-se a } \frac{1}{\sigma_g^2};$$

$$\sigma_e^2 \sim \text{inv - escalada} - \chi^2(v_e, S_e^2), \text{ de forma análoga à considerada para variância genotípica, considerando os hiperparâmetros com valores iguais a zero tem-se } \frac{1}{\sigma_e^2}.$$

Para o vetor β é atribuída uma distribuição a priori normal multivariada, considerando variância infinita, o que equivale a assumir um conhecimento vago a respeito desses parâmetros (indicado pela constante). Para o vetor de efeito de

genótipos \mathbf{g} é atribuída também uma distribuição normal multivariada, com vetor de médias zero e variância σ_g^2 . Decorrente da incerteza atribuída em relação à variância, essa distribuição a priori pode ser considerada como informativa para genótipo.

Para σ_g^2 e σ_e^2 , como são componentes de variância, são atribuídas distribuições a priori qui-quadrado escaladas invertidas, que têm a seguinte forma:

$$p(\sigma^2|v, S^2) = \left(\frac{vS^2}{2} \right)^{(v/2)} \cdot \frac{\exp\left(-\frac{vS^2}{2\sigma^2}\right)}{(\sigma^2)^{1+\frac{v}{2}}} \quad (44)$$

Nessa distribuição v representa os graus de liberdade, S^2 é o parâmetro de escala e $\Gamma(\cdot)$ é a função gama, como definida na subseção 2.4.1. Os graus de liberdade v_g e v_e , bem como os parâmetros de escala (S_g^2 e S_e^2) para σ_g^2 e σ_e^2 , respectivamente, são considerados iguais a zero, nesta abordagem, do que resulta nas expressões $\frac{1}{\sigma_g^2}$ e $\frac{1}{\sigma_e^2}$ que também são consideradas distribuições a priori não informativas. Pelo fato da densidade a priori atribuída a σ_g^2 ser não informativa, a incerteza em relação a estimação de \mathbf{g} é determinada basicamente pela função de verossimilhança, ou seja, a partir dos dados experimentais.

No que se refere aos parâmetros dos termos multiplicativos do modelo, que representam a principal dificuldade em termos de modelagem, as distribuições a priori atribuídas devem satisfazer as restrições de ortonormalidade em relação aos vetores singulares, e de que os valores singulares são positivos e em ordem decrescente de magnitude. Para os vetores singulares α_k e γ_k são atribuídas distribuições esféricas uniformes no subespaço corrigido. A justificativa para a atribuição dessas distribuições a priori se deve ao fato, como já ressaltado, desses vetores terem a restrição de norma unitária, podendo ser considerados como dados direcionais. Além disso, esses vetores são distribuídos em um espaço restrito \mathfrak{R}^p

ou seja, os vetores α_k e γ_k são ortogonais a $t - 1$ vetores no espaço de dimensão p ($p = r$ ou $p = c$, respectivamente). A distribuição uniforme esférica também é considerada uma distribuição não informativa.

Para os valores singulares, são atribuídas distribuições a priori normais truncadas, pelo fato dessas variáveis assumirem somente valores positivos e $\lambda_k \geq \lambda_{k+1}$.

3.2.3 Distribuições a posteriori condicionais completas para os parâmetros

Combinando as informações referentes aos dados (função de verossimilhança) com as densidades à priori, como estabelecidas em 3.2.2, por meio do teorema de Bayes, a densidade da distribuição conjunta a posteriori pode, então, ser estabelecida. Considera-se, inicialmente, a distribuição de verossimilhança:

$$L(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y}) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{n}{2}} |I\sigma_e^2|^{\frac{1}{2}}} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_e^2} (\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})' (\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta}) \right\} \quad (45)$$

sendo $\boldsymbol{\theta} = X\boldsymbol{\beta} + Z\mathbf{g} + \sum_{k=1}^t \lambda_k \text{diag}(Z\boldsymbol{\alpha}_k)X\boldsymbol{\gamma}_k$.

Aplicando o teorema de bayes obtêm-se a distribuição conjunta a posteriori para os parâmetros.

$$p(\boldsymbol{\Phi}|\mathbf{y}) \propto p(\mathbf{y}|\boldsymbol{\theta}, \sigma_e^2) p(\mathbf{g}|\boldsymbol{\mu}_g, \sigma_g^2) p(\boldsymbol{\beta}|\boldsymbol{\mu}_\beta, \sigma_\beta^2) p(\sigma_g^2|v_g, S_g^2) p(\sigma_e^2|v_e, S_e^2) \times \\ \times \prod_{k=1}^t p(\lambda_k|\mu_{\lambda_k}, \sigma_{\lambda_k}^2) p(\boldsymbol{\alpha}_k) p(\boldsymbol{\gamma}_k) \quad (46)$$

em que $\boldsymbol{\Phi} = (\boldsymbol{\alpha}, \boldsymbol{\gamma}, \lambda, \mathbf{g}, \boldsymbol{\beta}, \sigma_g^2, \sigma_e^2)$.

$$p(\Phi|\mathbf{y}) \propto (\sigma_e^2)^{-\frac{n}{2}} \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_e^2}(\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})'(\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})\right\} (\sigma_g^2)^{-\frac{n_g}{2}} \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_g^2}\mathbf{g}'\mathbf{g}\right\} \times \\ \times \frac{1}{\sigma_g^2} \frac{1}{\sigma_e^2} \quad (47)$$

As distribuições condicionais completas a posteriori para os parâmetros são obtidas por meio da distribuição à posteriori conjunta:

Distribuição condicional completa a posteriori para β ;

$$p(\beta|\text{outros}) \propto \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_e^2}(\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})'(\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})\right\}$$

$$p(\beta|\text{outros}) \propto \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_e^2}(\Psi - X\beta)'(\Psi - X\beta)\right\}$$

em que $\Psi = \mathbf{y} - Z\mathbf{g} - \sum_{k=1}^t \lambda_k \text{diag}(Z\boldsymbol{\alpha}_k)X\boldsymbol{\gamma}_k$

Considerando a forma quadrática dentro das chaves, tem-se:

$$(\Psi - X\beta)'(\Psi - X\beta) = \Psi'\Psi - \Psi'X\beta - \beta'X'\Psi + \beta'X'X\beta$$

E, por meio de manipulações algébricas, e ainda completando quadrados em relação à distribuição multivariada normal, chega-se à seguinte expressão:

$$p(\beta|\text{outros}) \propto \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_e^2} \left[(\beta - (X'X)^{-1}X'\Psi)'X'X(\beta - (X'X)^{-1}X'\Psi) \right]\right\}$$

assim:

$$\boldsymbol{\beta} | \dots \sim N \left[(X'X)^{-1} X'(\mathbf{y} - Z\mathbf{g} - \boldsymbol{\Theta}), (X'X)^{-1} \sigma_e^2 \right] \quad (48)$$

em que $\boldsymbol{\Theta} = \sum_{k=1}^t \lambda_k \text{diag}(Z\boldsymbol{\alpha}_k) X \boldsymbol{\gamma}_k$.

Distribuição condicional completa a posteriori para \mathbf{g} ;

$$p(\mathbf{g} | \text{outros}) \propto \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_e^2} (\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})' (\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta}) \right\} \exp \left\{ \frac{1}{2\sigma_g^2} \mathbf{g}' \mathbf{g} \right\}$$

$$p(\mathbf{g} | \text{outros}) \propto \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_e^2} \left[(\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})' (\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta}) + \mathbf{g}' I \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} \mathbf{g} \right] \right\}$$

Considerando $\boldsymbol{\Gamma} = \mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta} - \sum_{k=1}^t \lambda_k \text{diag}(Z\boldsymbol{\alpha}_k) X \boldsymbol{\gamma}_k$ e desenvolvendo a expressão dentro dos colchetes tem-se:

$$(\boldsymbol{\Gamma} - Z\mathbf{g})' (\boldsymbol{\Gamma} - Z\mathbf{g}) + \mathbf{g}' \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} \mathbf{g} = \boldsymbol{\Gamma}' \boldsymbol{\Gamma} - \boldsymbol{\Gamma}' Z\mathbf{g} - \mathbf{g}' Z' \boldsymbol{\Gamma} + \mathbf{g}' Z' Z\mathbf{g} + \mathbf{g}' I \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} \mathbf{g}$$

Por meio de manipulações algébricas, completando quadrados e ainda observando termos que são constantes em relação a \mathbf{g} (esses termos podem ser absorvidos pela constante de normalização), obtém-se:

$$p(\mathbf{g} | \text{outros}) \propto \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_e^2} \left[\left(\mathbf{g} - \left(Z'Z + I \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} \right)^{-1} Z' \boldsymbol{\Gamma} \right)' \left(Z'Z + I \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} \right) \times \right. \right. \\ \left. \left. \times \left(\mathbf{g} - \left(Z'Z + I \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} \right)^{-1} Z' \boldsymbol{\Gamma} \right) \right] \right\} \quad (49)$$

assim:

$$\mathbf{g} | \dots \sim N \left[\left(Z'Z + I \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} \right)^{-1} Z' (\mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta} - \boldsymbol{\Theta}), \left(Z'Z + I \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} \right)^{-1} \sigma_e^2 \right] \quad (50)$$

Distribuição condicional completa a posteriori para σ_e^2 ;

$$\begin{aligned}
 p(\sigma_e^2|\text{outros}) &\propto (\sigma_e^2)^{-\frac{n}{2}} \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_e^2}(\mathbf{y}-\boldsymbol{\theta})'(\mathbf{y}-\boldsymbol{\theta})\right\} (\sigma_e^2)^{-1}. \\
 p(\sigma_e^2|\text{outros}) &\propto (\sigma_e^2)^{-\frac{n}{2}} \cdot (\sigma_e^2)^{-1} \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_e^2}(\mathbf{y}-\boldsymbol{\theta})'(\mathbf{y}-\boldsymbol{\theta})\right\} \\
 p(\sigma_e^2|\text{outros}) &\propto (\sigma_e^2)^{-\left(\frac{n}{2}+1\right)} \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_e^2}(\mathbf{y}-\boldsymbol{\theta})'(\mathbf{y}-\boldsymbol{\theta})\right\} \\
 \sigma_e^2|\dots &\sim \text{inv-escalada} - \chi^2[n, (\mathbf{y}-\boldsymbol{\theta})'(\mathbf{y}-\boldsymbol{\theta})]. \tag{51}
 \end{aligned}$$

Distribuição condicional completa a posteriori para σ_g^2 ;

$$\begin{aligned}
 p(\sigma_g^2|\text{outros}) &\propto (\sigma_g^2)^{-\frac{n_g}{2}} \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_g^2}\mathbf{g}'\mathbf{g}\right\} (\sigma_g^2)^{-1} \\
 p(\sigma_g^2|\text{outros}) &\propto (\sigma_g^2)^{-\left(\frac{n_g}{2}+1\right)} \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_g^2}\mathbf{g}'\mathbf{g}\right\} \\
 \sigma_g^2|\dots &\sim \text{inv-escalada} - \chi^2[n_g, \mathbf{g}'\mathbf{g}]. \tag{52}
 \end{aligned}$$

Distribuição condicional completa a posteriori para λ_k ;

$$p(\lambda_k|\text{outros}) \propto \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma_e^2}(\mathbf{y}-\boldsymbol{\theta})'(\mathbf{y}-\boldsymbol{\theta})\right\} \tag{53}$$

Considerando: $\boldsymbol{\Delta} = \mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta} - Z\mathbf{g} - \sum_{k' \neq k}^t \lambda_{k'} \text{diag}(Z\boldsymbol{\alpha}_{k'})X\boldsymbol{\gamma}_{k'}$ e $\boldsymbol{\phi} = \text{diag}(Z\boldsymbol{\alpha}_k)X\boldsymbol{\gamma}_k$
tem-se então:

$$p(\lambda_k | \text{outros}) \propto \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_e^2} (\mathbf{\Delta} - \phi\lambda_k)' (\mathbf{\Delta} - \phi\lambda_k) \right\} \quad (54)$$

Desenvolvendo as formas quadráticas por meio de manipulações algébricas, completando quadrados e ainda verificando termos que são constantes em relação ao parâmetro considerado no cálculo, chega-se à seguinte expressão:

$$\left[\lambda_k - (\phi'\phi)^{-1} \phi'\mathbf{\Delta} \right]' \phi'\phi \left[\lambda_k - (\phi'\phi)^{-1} \phi'\mathbf{\Delta} \right]$$

Dessa forma, a condicional de λ_k , dados os outros parâmetros, pode ser dada por:

$$p(\lambda_k | \text{outros}) \propto \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_e^2} \left[\left(\lambda_k - (\phi'\phi)^{-1} \phi'\mathbf{\Delta} \right)' (\phi'\phi) \left(\lambda_k - (\phi'\phi)^{-1} \phi'\mathbf{\Delta} \right) \right] \right\}$$

então, tem-se que:

$$\lambda_k | \dots \sim N^+ \left[(\phi'\phi)^{-1} \phi'\mathbf{\Delta}, (\phi'\phi)^{-1} \sigma_e^2 \right] \quad (55)$$

onde: $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_t \geq 0$.

Distribuição condicional completa a posteriori para α_k ;

$$p(\alpha_k | \text{outros}) \propto \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_e^2} (\mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta} - Z\mathbf{g} - \lambda_k \text{diag}(X\boldsymbol{\gamma}_k) Z\alpha_k - \mathbf{E})' \times \right. \\ \left. \times (\mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta} - Z\mathbf{g} - \lambda_k \text{diag}(X\boldsymbol{\gamma}_k) Z\alpha_k - \mathbf{E}) \right\} \quad (56)$$

em que $\mathbf{E} = \sum_{k' \neq k}^t \lambda_{k'} \text{diag}(X\boldsymbol{\gamma}_{k'}) Z\alpha_{k'}$

Desenvolvendo os cálculos indicados na forma quadrática da exponencial expressa em (56)

$$(\mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta} - Z\mathbf{g} - \lambda_k \mathbf{\Lambda} \boldsymbol{\alpha}_k - \mathbf{E})' (\mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta} - Z\mathbf{g} - \lambda_k \mathbf{\Lambda} \boldsymbol{\alpha}_k - \mathbf{E}) \quad (57)$$

onde $\mathbf{\Lambda} = \text{diag}(X\boldsymbol{\gamma}_k) Z$. Observando que os termos constantes em relação a $\boldsymbol{\alpha}_k$ podem ser absorvidos pela constante de integração, a expressão (57) reduz-se a:

$$\begin{aligned} & -(\mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta} - Z\mathbf{g})' \lambda_k \mathbf{\Lambda} \boldsymbol{\alpha}_k - \lambda_k (\mathbf{\Lambda} \boldsymbol{\alpha}_k)' (\mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta} - Z\mathbf{g}) + \lambda_k^2 (\mathbf{\Lambda} \boldsymbol{\alpha}_k)' \mathbf{\Lambda} \boldsymbol{\alpha}_k + \\ & + \lambda_k (\mathbf{\Lambda} \boldsymbol{\alpha}_k)' \mathbf{E} + \mathbf{E}' \lambda_k (\mathbf{\Lambda} \boldsymbol{\alpha}_k). \end{aligned}$$

Além disso, é preciso notar que:

$$\lambda_k^2 [\text{diag}(X\boldsymbol{\gamma}_k) Z \boldsymbol{\alpha}_k]' \text{diag}(X\boldsymbol{\gamma}_k) Z \boldsymbol{\alpha}_k = \lambda_k^2 (Z \boldsymbol{\alpha}_k)' \text{diag}(X\boldsymbol{\gamma}_k) \text{diag}(X\boldsymbol{\gamma}_k) Z \boldsymbol{\alpha}_k$$

$$\lambda_k^2 [\text{diag}(X\boldsymbol{\gamma}_k) Z \boldsymbol{\alpha}_k]' \text{diag}(X\boldsymbol{\gamma}_k) Z \boldsymbol{\alpha}_k = \lambda_k^2 (Z \boldsymbol{\alpha})' W Z \boldsymbol{\alpha}_k$$

sendo W ($n \times n$) a matriz diagonal, cujos elementos da diagonal são os quadrados dos valores das coordenadas do vetor $\boldsymbol{\gamma}_k$ repetidas conforme o esquema do delineamento. Pré e pós multiplicando W por $(Z \boldsymbol{\alpha})'$ e $Z \boldsymbol{\alpha}$, respectivamente, obtém-se

$$\lambda_k^2 \boldsymbol{\alpha}' Z' W Z \boldsymbol{\alpha}_k = \lambda_k^2 \boldsymbol{\alpha}' (q I_r) \boldsymbol{\alpha}_k = q \lambda_k^2 \boldsymbol{\alpha}' I_r \boldsymbol{\alpha}_k = q \lambda_k^2$$

sendo q o número de repetições do tratamento em cada ambiente. Com argumentos análogos e considerando a propriedade de ortogonalidade com relação aos vetores singulares genotípicos e ambientais, demonstra-se que

$$\mathbf{E}' \text{diag}(X\boldsymbol{\gamma}_k) Z \boldsymbol{\alpha}_k = [\lambda_k \text{diag}(X\boldsymbol{\gamma}_k) Z \boldsymbol{\alpha}_k]' \mathbf{E} = 0.$$

Assim, as expressões $\lambda_k^2 [\text{diag}(X\boldsymbol{\gamma}_k) Z \boldsymbol{\alpha}_k]' \text{diag}(X\boldsymbol{\gamma}_k) Z \boldsymbol{\alpha}_k$ e $\mathbf{E}' \text{diag}(X\boldsymbol{\gamma}_k) Z \boldsymbol{\alpha}_k$ são constantes em relação a $\boldsymbol{\alpha}_k$ e também podem ser absorvidas pela constante de integração. A expressão (56) pode, então, ser reescrita como:

$$p(\boldsymbol{\alpha}_k | \text{outros}) \propto \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma_e^2} [-2\lambda_k \boldsymbol{\alpha}'_k \boldsymbol{\Lambda}'(\mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta} - Z\mathbf{g})] \right\}$$

$$p(\boldsymbol{\alpha}_k | \text{outros}) \propto \exp \left\{ \frac{\lambda_k}{\sigma_e^2} [\boldsymbol{\alpha}'_k \boldsymbol{\Lambda}'(\mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta} - Z\mathbf{g})] \right\}$$

$$p(\boldsymbol{\alpha}_k | \text{outros}) \propto \exp \{ k \boldsymbol{\alpha}'_k \boldsymbol{\Lambda}'(\mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta} - Z\mathbf{g}) \}$$

de forma que, $\boldsymbol{\alpha}_k$ possui distribuição proporcional a Von-Mises Fisher com parâmetros k e $\boldsymbol{\mu}_{\alpha_k}$ e pode ser representado por:

$$\boldsymbol{\alpha}_k | \dots \sim VMF[k, \boldsymbol{\mu}_{\alpha_k}] \quad (58)$$

em que $\boldsymbol{\mu}_{\alpha_k} = \boldsymbol{\Lambda}'(\mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta} - Z\mathbf{g})$.

Distribuição condicional completa à posteriori para $\boldsymbol{\gamma}_k$;

$$\boldsymbol{\gamma}_k | \dots \sim VMF[k, \boldsymbol{\mu}_{\gamma_k}] \quad (59)$$

com cálculos análogos aos feitos para $\boldsymbol{\alpha}_k$ em que $\boldsymbol{\mu}_{\gamma_k} = \boldsymbol{\Omega}'(\mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta} - Z\mathbf{g})$ e $\boldsymbol{\Omega} = \text{diag}(Z\boldsymbol{\alpha}_k)X$.

As distribuições a posteriori condicionais obtidas para λ , \mathbf{g} e $\boldsymbol{\beta}$, são distribuições normais. Para σ_e^2 e σ_g^2 são obtidas inversas qui-quadrado escaladas. As distribuições a posteriori obtidas, a partir do teorema de Bayes, para os parâmetros $\boldsymbol{\alpha}_k$ e $\boldsymbol{\gamma}_k$ são distribuições Von Mises-Fisher, como descrita na subseção 2.4.2.

3.2.4 Amostragem a partir das distribuições a posteriori condicionais completas dos parâmetros

Como todas as condicionais foram obtidas de forma fechada, ou seja, as distribuições têm formas conhecidas e permitem amostragem direta, o amostrador de Gibbs pode ser utilizado no processo de estimação dos parâmetros. O principal problema relativo à amostragem, a partir das condicionais no modelo AMMI é que os vetores α_k e γ_k devem ser amostrados no subespaço corrigido $\mathfrak{R}^{(p-t)}$, sendo $p = r$ e $p = c$, respectivamente. Essa amostragem pode ser realizada via transformação linear, baseada na propriedade de que um vetor aleatório unitário $p - t$ dimensional em \mathfrak{R}^p pode ser transformado no mesmo vetor aleatório unitário em $\mathfrak{R}^{(p-t)}$. Considera-se o caso para α_k (γ_k é análogo).

Para o modelo considerado, α_k deve ser ortogonal aos outros α_k 's ($A_{-\alpha_k}$), logo existe uma matriz H_k tal que as colunas de H_k formam um conjunto ortonormal de vetores que são ortogonais a ($A_{-\alpha_k}$) (LIU, 2001). Seja a seguinte transformação linear.

$$\alpha_k^* = H_k' \alpha_k. \quad (60)$$

É possível demonstrar que essa transformação é bijetora (um a um). Dessa forma, a distribuição a posteriori condicional de α_k^* ($\alpha_k^* \in S_{r-t}$) pode ser obtida da seguinte forma:

$$p(\alpha_k | \text{outros}) \propto \exp \left\{ \frac{\lambda_k}{\sigma_e^2} (\alpha_k' \mu_{\alpha_k}) \right\} \quad (61)$$

em que $\mu_{\alpha_k} = \Lambda'(\mathbf{y} - X\beta - Z\mathbf{g})$, como já foi demonstrado anteriormente. Observando que $\alpha_k^* = H_k' \alpha_k$ e que $\alpha_k = H_k \alpha_k^*$ tem-se $\alpha_k = H_k(H_k' \alpha_k)$ sendo o

vetor transposto dado por $\alpha'_k = \alpha'_k H_k H'_k$. Dessa relação, obtém-se as seguintes expressões:

$$p(\alpha_k | \text{outros}) \propto \exp \left\{ \frac{\lambda_k}{\sigma_e^2} \alpha'_k H_k H'_k \mu_{\alpha_k} \right\} \quad (62)$$

$$p(\alpha_k^* | \text{outros}) \propto \exp \left\{ \frac{\lambda_k}{\sigma_e^2} (\alpha_k^*)' H'_k \mu_{\alpha_k} \right\} \quad (63)$$

Multiplicando e dividindo convenientemente a expressão entre as chaves por $c_k = \sqrt{(H'_k \mu_{\alpha_k})' H'_k \mu_{\alpha_k}} = \sqrt{\mu'_{\alpha_k} H_k H'_k \mu_{\alpha_k}}$, de forma a normalizar $H'_k \mu_{\alpha_k}$ tem-se:

$$p(\alpha_k^* | \text{outros}) \propto \left\{ \frac{c_k \lambda_k}{\sigma_e^2} (\alpha_k^*)' \tilde{\mu}_{\alpha_k} \right\} \quad (64)$$

onde

$$\tilde{\mu}_{\alpha_k} = c_k^{-1} H'_k \mu_{\alpha_k}. \quad (65)$$

Desta forma, α_k^* é um vetor aleatório com distribuição Von Mises-Fisher na esfera unitária em S_{r-t} que, por motivo de simplicidade, será representada por $VFM(r-t, k_k, \tilde{\mu}_{\alpha_k})$.

$$\alpha_k^* | \text{outros} \sim VFM \left(r-t, \frac{c_k \lambda_k}{\sigma_e^2}, \tilde{\mu}_{\alpha_k} \right). \quad (66)$$

Então pode-se amostrar α_k^* em $S_{(r-t)}$, e para obter o vetor no correto subespaço em \mathfrak{R}^p basta realizar a transformação inversa dada por $\alpha_k = H_k \alpha_k^*$.

Com cálculos análogos aos realizados para α_k obtém-se γ_k^* tal que:

$$\gamma_k^* = R_k' \gamma_k \quad (67)$$

$$p(\gamma_k^* | \text{outros}) \propto \left\{ \frac{d_k \lambda_k}{\sigma_e^2} (\gamma_k^*)' \tilde{\boldsymbol{\mu}}_{\gamma_k} \right\} \quad (68)$$

onde $\tilde{\boldsymbol{\mu}}_{\gamma_k} = d_k^{-1} R_k' \boldsymbol{\mu}_{\gamma_k}$. Sendo a matriz R_k de dimensão $c \times (c - t)$ com colunas ortonormais e ortogonais aos vetores $D_{-\gamma_k}$. A transformação inversa é obtida por $\gamma_k = R_k \gamma_k^*$.

Com essas transformações, o amostrador de Gibbs pode ser utilizado para realizar a amostragem a partir das distribuições condicionais completas a posteriori dos parâmetros do modelo AMMI-Bayesiano. O amostrador de Gibbs pode ser implementado, seguindo o algoritmo abaixo.

Algoritmo para o Amostrador de Gibbs

O processo de amostragem iterativa pode ser conduzido por meio dos seguintes passos:

A1 - Primeiramente são atribuídos valores iniciais aos parâmetros do modelo:

$$\boldsymbol{\Phi}^0 = [\boldsymbol{\beta}^0, \mathbf{g}^0, (\sigma_e^2)^0, (\sigma_g^2)^0, \lambda^0, \boldsymbol{\alpha}^0, \boldsymbol{\gamma}^0] \quad (69)$$

A2- A partir desses valores iniciais, a l -ésima iteração pode ser obtida da seguinte forma:

a) Gerar $\boldsymbol{\beta}^l | \mathbf{g}^{l-1}, (\sigma_e^2)^{l-1}, (\sigma_g^2)^{l-1}, \lambda^{l-1}, \boldsymbol{\alpha}^{l-1}, \boldsymbol{\gamma}^{l-1}$ a partir da distribuição condicional a posteriori:

$$N \left[(X'X)^{-1}X'(\mathbf{y} - Z\mathbf{g}^{l-1} - \Theta), (X'X)^{-1}(\sigma_e^e)^{l-1} \right] \quad (70)$$

$$\Theta = \sum_{k=1}^t (\lambda_k)^{l-1} \text{diag}(Z\boldsymbol{\alpha}_k^{l-1})X\boldsymbol{\gamma}_k^{l-1} \quad (71)$$

b) Gerar $\mathbf{g}^l | \boldsymbol{\beta}^l, (\sigma_e^2)^{l-1}, (\sigma_g^2)^{l-1}, \lambda^{l-1}, \boldsymbol{\alpha}^{l-1}, \boldsymbol{\gamma}^{l-1}$ a partir da distribuição condicional a posteriori:

$$N \left[\left(Z'Z + I \frac{(\sigma_e^2)^{l-1}}{(\sigma_g^2)^{l-1}} \right)^{-1} Z'(\mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta}^l - \Theta), \left(Z'Z + I \frac{(\sigma_e^2)^{l-1}}{(\sigma_g^2)^{l-1}} \right) (\sigma_e^2)^{l-1} \right] \quad (72)$$

c) Gerar $(\sigma_e^2)^l | \boldsymbol{\beta}^l, \mathbf{g}^l, (\sigma_g^2)^{l-1}, \lambda^{l-1}, \boldsymbol{\alpha}^{l-1}, \boldsymbol{\gamma}^{l-1}$ a partir da condicional a posteriori:

$$\text{inv} - \text{escalada} - \chi^2[n, (\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})'(\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})] \quad (73)$$

$$\boldsymbol{\theta} = X\boldsymbol{\beta}^l + Z\mathbf{g}^l + \sum_{k=1}^t \lambda_k^{l-1} \text{diag}(Z\boldsymbol{\alpha}_k^{l-1})X\boldsymbol{\gamma}_k^{l-1} \quad (74)$$

d) Gerar $(\sigma_g^2)^l | \boldsymbol{\beta}^l, \mathbf{g}^l, (\sigma_e^2)^l, \lambda^{l-1}, \boldsymbol{\alpha}^{l-1}, \boldsymbol{\gamma}^{l-1}$ a partir da condicional a posteriori:

$$\text{inv} - \text{escalada} - \chi^2[n_{\mathbf{g}}, (\mathbf{g}^l)' \mathbf{g}^l] \quad (75)$$

e) Para gerar a l -ésima observação para os parâmetros bilineares do modelo, deve ser seguida a sequência e1), e2) e e3) abaixo, para $k = 1, 2, \dots, t$:

e1) Gerar $\lambda_k^l | \boldsymbol{\beta}^l, \mathbf{g}^l, (\sigma_e^2)^l, (\sigma_g^2)^l, \boldsymbol{\alpha}^{l-1}, \boldsymbol{\gamma}^{l-1}$, a partir da condicional a posteriori:

$$N^+ \left[(\phi' \phi)^{-1} \phi' \Delta, (\phi' \phi)^{-1} \sigma_e^2 \right] \quad (76)$$

$$\Delta = \mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta}^l - Z\mathbf{g}^l - \sum_{k \neq k'}^t (\lambda_{k'})^{l-1} \text{diag}(Z\boldsymbol{\alpha}_{k'}^{l-1}) X\boldsymbol{\gamma}_{k'}^{l-1} \quad (77)$$

$$\phi = \text{diag}(Z\boldsymbol{\alpha}_k^{l-1}) X\boldsymbol{\gamma}_k^{l-1} \quad (78)$$

e2) Gerar $\boldsymbol{\alpha}_k | \boldsymbol{\beta}^l, \mathbf{g}^l, (\sigma_e^2)^l, (\sigma_g^2)^l, \lambda_k^l, \boldsymbol{\gamma}^{l-1}$, a partir da condicional a posteriori:

Gerar $\boldsymbol{\alpha}_k^*$ da *VFM* $\left(r - t, \frac{c_k \lambda_k^l}{(\sigma_e^2)^l}, \tilde{\boldsymbol{\mu}}_{\alpha_k} \right)$, tal como definida anteriormente, considerando a matriz $H_k, r \times (r - t)$, com colunas ortonormais e ortogonais para $\boldsymbol{\alpha}_1^l, \dots, \boldsymbol{\alpha}_1^{k-1}$. Sendo que:

$$\tilde{\boldsymbol{\mu}}_{\alpha_k} = c_k^{-1} H_k' \boldsymbol{\mu}_{\alpha_k} \quad e \quad c_k = \sqrt{\boldsymbol{\mu}_{\alpha_k}' H_k H_k' \boldsymbol{\mu}_{\alpha_k}} \quad (79)$$

$$\boldsymbol{\mu}_{\alpha_k} = \left[\text{diag}(X\boldsymbol{\gamma}_k^{l-1}) Z \right]' \left(\mathbf{y} - X\boldsymbol{\beta}^l - Z\mathbf{g}^l \right) \quad (80)$$

obter $\boldsymbol{\alpha}_k = H_k \boldsymbol{\alpha}_k^*$.

e3) Gerar $(\boldsymbol{\gamma}_k)^l | \boldsymbol{\beta}^l, \mathbf{g}^l, (\sigma_e^2)^l, (\sigma_g^2)^l, \lambda_k^l, \boldsymbol{\alpha}^l$, a partir da condicional a posteriori:

Gerar $\boldsymbol{\gamma}_k^*$ da *VFM* $\left(c - t, \frac{d_k \lambda_k^l}{(\sigma_e^2)^l}, \tilde{\boldsymbol{\mu}}_{\gamma_k} \right)$, tal como definida anteriormente com a matriz $R_k, c \times (c - t)$, com colunas ortonormais e ortogonais a $\boldsymbol{\gamma}_1^l, \dots, \boldsymbol{\gamma}_1^{k-1}$.

$$\tilde{\boldsymbol{\mu}}_{\gamma_k} = d_k^{-1} H_k' \boldsymbol{\mu}_{\gamma_k} \text{ e } d_k = \sqrt{\boldsymbol{\mu}'_{\gamma_k} R_k R_k' \boldsymbol{\mu}_{\gamma_k}} \quad (81)$$

$$\boldsymbol{\mu}_{\gamma_k} = \left[\text{diag}(Z \boldsymbol{\alpha}_k^{l-1}) X \right]' (\mathbf{y} - X \boldsymbol{\beta}^l - Z \mathbf{g}^l) \quad (82)$$

obter $\boldsymbol{\gamma}_k = R_k \boldsymbol{\gamma}_k^*$.

Os passos seguidos de “a” até “e” formam um ciclo de geração do amostrador de Gibbs e devem ser repetidos iterativamente para gerar as cadeias de Markov. Obtida a convergência, uma grande amostra fornecida pelo amostrador de Gibbs pode ser então utilizada para a estimação dos parâmetros e construção de intervalos de credibilidade. Todo processo de inferência foi realizado utilizando o software estatístico R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2012).

Uma das dificuldades a ser relatada, no que se refere ao processo iterativo de amostragem, é que para os vetores singulares ambientais, trabalhando com o esquema de atualização das cadeias com a interação de posto completo, a amostragem do último eixo γ_9 é realizada considerando apenas dois vetores, com normas unitárias e contidos na mesma reta suporte, apenas com sinais contrários. Dessa forma, tem-se liberdade apenas para a mudança de sinais das componentes nas cadeias (VIELE; SRNIVASAN, 2000). Para contornar essa situação, o processo de amostragem foi realizado com apenas oito eixos. Para a atualização do oitavo eixo ambiental tem-se grau de liberdade para amostragem na circunferência do círculo de raio unitário.

A convergência das cadeias produzidas, de acordo com os passos descritos acima, foi realizada pelo método de Raftery e Lewis (1992) e pelo critério de

Heidelberger e Welch (1983), implementados no pacote BOA (Bayesian Output Analysis).

3.2.5 Estimação dos parâmetros do modelo

Com as amostras geradas pelo amostrado de Gibbs pode se estimar os parâmetros do modelo. As estimativas para $\sigma_g^2, \sigma_e^2, \lambda, \mathbf{g}$ e β podem ser obtidas a partir da regra de Bayes com relação à função em perdas quadráticas, ou seja, pelas médias das amostras MCMC obtidas na etapa anterior.

Contudo, no caso dos vetores singulares as médias amostrais não satisfazem às restrições do modelo, no que se refere a ortogonalidade entre os vetores e a norma unitária. Assim, a estimativa para \mathbf{B} , matriz cujas colunas são os vetores singulares genotípicos, são obtidas como resultado da ortonormalização da matriz $\bar{B}_{(r \times c)}$; cujas colunas são formadas pelas médias das coordenadas dos vetores singulares genotípicos α_k (análogo para γ_k) obtidas pelas cadeias de Markov. Um método para encontrar as estimativas é proposto por Liu (2001). Para exemplificar, considera-se o caso para os vetores α_k . Primeiramente, realiza-se a decomposição por valores singulares SVD da matriz \bar{B} .

$$\bar{B} = LDR' \quad (83)$$

em que $D_{(c \times c)}$ é a matriz formada por valores singulares em sua diagonal e as matrizes $L_{(r \times c)}$ e $R_{(c \times c)}$ são as matrizes formadas pelos vetores singulares à esquerda e à direita, respectivamente. Liu (2001) demonstra que as estimativas dos vetores dadas por $\hat{B} = LR'$ satisfazem as restrições do modelo, já que

$$\hat{B}'\hat{B} = RL'LR' = I_c \quad (84)$$

onde I_c é a matriz identidade de ordem c , o que prova que os vetores nas colunas de \hat{B} são ortogonais entre si e têm norma unitária. Além disso, $\hat{B} = LR'$ é a melhor estimativa de B no sentido de minimizar a expressão:

$$\frac{1}{m} \sum_{l=1}^m tr [B^l - B]' [B^l - B] \quad (85)$$

em que B^l é a l -ésima observação da amostra da distribuição de B , m o tamanho da amostra utilizada para o processo de estimação e tr o operador traço.

3.2.6 Regiões de credibilidade para os parâmetros do modelo

A partir das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs são construídas regiões de credibilidade com densidade a posteriori máxima (HPD) para os parâmetros do modelo. Para construir as regiões HPD com $100(1 - \alpha)\%$ é utilizado o método proposto por Chen e Shao (1999) que pode ser compreendido por meio do seguinte algoritmo:

- a) ordenar a cadeia amostral da distribuição a posteriori marginal para cada parâmetro em ordem crescente (do menor para o maior);
- b) calcular o tamanho s de uma subamostra tal que ela contenha 95% do total do tamanho das amostras da distribuição a posteriori marginal;
- c) obter o primeiro possível intervalo a 95%, contendo os primeiros s -ésimos valores amostrais, e calculando a diferença entre os limites;
- d) deslocar o quadro de leitura da cadeia (em um passo) obter o segundo possível intervalo a 95%, calculando a diferença entre os limites;
- e) continuar esse procedimento até obter a região HPD com o intervalo com a menor diferença entre valores superiores e inferiores.

Como foi visto nessa seção, os componentes bilineares do modelo AMMI possuem densidades conjuntas a posteriori conhecidas. Todavia, para as variáveis aleatórias de interesse $(\lambda_1^{1/2}\alpha_{i1}, \lambda_2^{1/2}\alpha_{i2})$ e $(\lambda_1^{1/2}\gamma_{j1}, \lambda_2^{1/2}\gamma_{j2})$, embora seja possível obter amostras a partir das cadeias MCMC geradas pelo amostrador de Gibbs, não se conhece a forma das distribuições conjuntas. Assumindo normalidade seria relativamente fácil construir as regiões bivariadas que são formadas pelos valores que satisfazem a expressão:

$$p \left[n(\hat{\boldsymbol{\theta}} - \boldsymbol{\theta})' S^{-1} (\hat{\boldsymbol{\theta}} - \boldsymbol{\theta}) \leq \frac{(n-1)p}{n-p} F_{p,n-p}(\alpha) \right] \quad (86)$$

onde $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ é o vetor contendo as médias da distribuição bivariada, S é a estimativa da matriz de variância e covariância e $F_{p,n-p}(\alpha)$ é o quantil superior da distribuição de Fisher-Snedecor, com p e $n-p$ graus de liberdades (FERREIRA, 2011; REIS, 2001). Fugindo das suposições de normalidade e linearidade, em relação aos parâmetros, as regiões ficam dependendo da qualidade da aproximação quadrática. Nesses casos, a partir das distribuições das variáveis é possível obter uma região de confiança, não limitada a forma elíptica, denominada região de verossimilhança (BATES; WATTS, 1988).

Contudo, este não é o caso para os escores da interação $G \times E$. Encontrar regiões de credibilidade é uma tarefa complicada, quando a distribuição não tem uma forma conhecida. O método aqui utilizado para encontrar regiões de credibilidade, para cada par de escores genotípicos e ambientais, foi calcular as distâncias euclidianas dos pontos amostrais, em relação ao centro da distribuição, para cada observação e remover os 5% de pontos com a maior distância (OOMS, 2013).

Primeiramente, constroem - se as versões padronizadas das duas variáveis que compõem a amostra bivariada. Para cada variável, a padronização é realizada subtraindo a respectiva média para cada observação e dividindo o resultado pelo

desvio padrão. A partir da distribuição bivariada padronizada, calcula-se a distância euclidiana de cada ponto ao centro da distribuição, representado pelo ponto contendo as médias das variáveis. Feito isso é calculado o percentil 95 para a distribuição dessas distâncias, que pode ser denotado por r (como raio). Em seguida, todos os pontos com uma distância euclidiana, em relação ao centro, maior que r são removidos da amostra.

O último passo a ser feito é transformar os pontos amostrais para o dimensionamento da distribuição original. Para tanto, as observações de cada variável, que compõe a distribuição bivariada, são multiplicadas pelos respectivos desvios padrão e as respectivas médias devem ser adicionadas a esses valores. Com esse procedimento, obtém-se as regiões de credibilidade com formas elípticas, que abrangem os 95% de pontos da distribuição original. Esse procedimento pode ser realizado para obter outros níveis de credibilidade.

4 RESULTADOS

Nesta seção, objetiva-se apresentar os principais resultados obtidos a partir da abordagem proposta.

4.1 Convergência das cadeias de Markov

Como especificado, na seção anterior, foram simuladas cadeias MCMC com 188 mil iterações para os parâmetros do modelo AMMI-bayesiano. Das cadeias geradas foram descartadas as primeiras 8000 observações amostrais (*burn-in*) e as amostras foram tomadas realizando-se saltos a cada 20 observações (*thinning*). Esses procedimentos, tiveram por objetivo, evitar selecionar observações de cadeias que ainda não haviam atingido a convergência, bem como evitar a utilização de amostras correlacionadas.

Uma dificuldade encontrada, na simulação das amostras, foi que os valores produzidos pela distribuição a posteriori condicional, tendem a mudar de sinal arbitrariamente para as coordenadas dos vetores singulares, a partir do segundo vetor singular, na geração das cadeias MCMC. Dessa forma, a distribuição a posteriori converge para duas soluções possíveis que são iguais em módulo. Sabe-se que a DVS envolve um sistema de equações lineares homogêneo, e, portanto, tem infinitas soluções. Na expressão (8), da subseção (1.2), foi visto que a DVS para uma matriz Z ($m \times n$) pode ser dada pela expressão $Z = USV'$. Essa expressão pode ser reescrita como $U = ZVS^{-1}$ como também $V = Z'US^{-1}$ de forma que especificando valores iniciais para as colunas de U os elementos da matriz V são determinados unicamente (HARVILLE, 1997). Da mesma forma, especificando os valores para os elementos das colunas de V , as colunas de U são unicamente determinadas. Apesar das soluções para U e V não serem únicas a decomposição

$\sum_{k=1}^p \lambda_k \alpha_k \gamma'_k$ não se altera (p é o posto da matriz Z).

Esse problema foi contornado separando as cadeias para as coordenadas dos vetores singulares e agrupando as subcadeias que têm convergência para as mesmas soluções (mesmo sinal). O primeiro passo foi selecionar as subcadeias para a primeira coordenada do segundo vetor singular escolhendo a solução positiva. Para as demais coordenadas desse vetor, as soluções ficam determinadas. Observa-se, com esse procedimento, que as soluções para as coordenadas do segundo vetor singular ambiental também ficam determinadas.

Para os demais vetores singulares devem ser consideradas as soluções correspondentes àquelas iterações contidas nas subcadeias selecionadas para o segundo vetor singular. Para cada vetor singular genotípico, tem-se a liberdade de escolher o sinal para a solução da primeira coordenada, as soluções para as demais coordenadas, assim como para as coordenadas dos respectivos vetores singulares ambientais ficam determinadas. É preciso ressaltar ainda, que para os valores singulares e parâmetros lineares do modelo, o teste de convergência e processo de inferência devem ser realizados, utilizando as subcadeias correspondentes àquelas selecionadas para os vetores singulares.

Na Figura 4, apresentam-se os traços das cadeias completas, ainda com 9000 iterações, referentes às primeiras coordenadas dos vetores singulares genotípicos e ambientais, associados ao segundo valor singular. É possível perceber melhor que a distribuição converge para duas soluções (positiva e negativa). Observa-se ainda que quando o valor da primeira coordenada do segundo vetor singular genotípico muda de sinal, a segunda coordenada desse vetor, bem como as coordenadas correspondentes do segundo vetor singular ambiental também mudam de sinais. Como ressaltado, a utilização de qualquer das duas soluções não altera o valor do produto interno para os marcadores de linhas e colunas, que faz

com que o resultado tenha mesma interpretação. Entretanto, a troca de sinais altera as posições dos genótipos e ambientes no Biplot. Viele e Srinivasan (2000) ressaltam que não identificabilidade no modelo AMMI ocorre por trocas de sinais nos componentes da interação, mas que essas mudanças não são facilmente permitidas pelo esquema de atualização das cadeias. Contudo, esse problema foi observado no presente estudo.

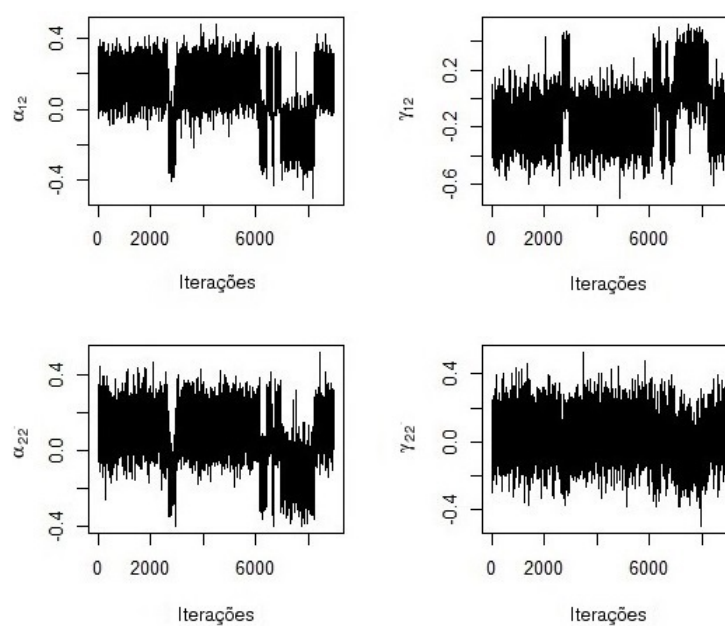


Figura 4 Traços das cadeias geradas pela posteriori para as duas primeiras coordenadas dos vetores singulares genotípicos e ambientais, associados ao segundo valor singular, sem a separação das cadeias para as duas soluções.

Na Figura 5 podem ser observadas as densidades, a posteriori, das coordenadas α_{62} , γ_{62} , α_{13} e γ_{13} , referentes aos vetores genotípicos e ambientais associados a λ_2 e λ_3 , respectivamente, considerando ainda as cadeias originais, sem a separação em subcadeias para as duas soluções. É possível perceber que essas densidades são bimodais, com soluções negativa e positiva (simétricas). A

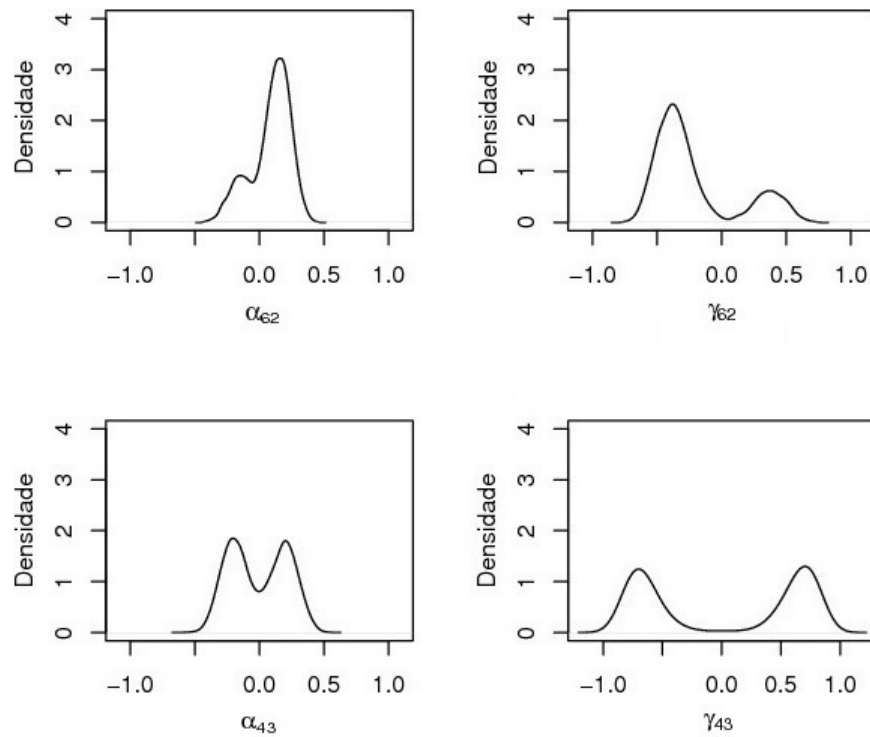


Figura 5 Densidades a posteriori das coordenadas α_{62} , γ_{62} , α_{43} e γ_{43} , referentes aos vetores genotípicos e ambientais associados a λ_2 e λ_3 , respectivamente, sem os ajustes das cadeias para a solução positiva.

não observação desse detalhe poderia fazer com que as estimativas fossem obtidas de maneira equivocada para as componentes principais, fazendo com que os valores estimados das coordenadas, a partir do segundo vetor singular, se aproximassem do valor zero, pois considerando cadeias infinitas ter-se-ia $E[\alpha_{ik}] = 0$ assim como $E[\gamma_{jk}] = 0$ para $k \geq 2$. Crossa et al. (2011) e Perez-Elizalde, Jarquin e Crossa (2011), utilizando o programa R, em uma abordagem semelhante, não relatam a ocorrência dessa situação ou a utilização de qualquer procedimento para evitá-la. Contudo, isso pode ser facilmente identificado em uma análise descritiva ou avaliação de convergência.

A avaliação da convergência das cadeias produzidas, de acordo com os

passos descritos na subseção 3.22, foi realizada pelos critérios de Heidelberger e Welch (1983) e Raftery e Lewis (1992). Observaram-se, por meio desses procedimentos, que todos os parâmetros tiveram boas propriedades de convergência, com fator de dependência $I < 5$. Além disso, todos os parâmetros passaram pelo teste de estacionaridade, indicando que a convergência foi alcançada. Para o processo de inferência, foi selecionada uma amostra de tamanho $n = 7123$ observações. Na Figura 6, podem ser vistos os traços das cadeias, restringindo as primeiras coordenadas dos vetores singulares genotípicos a serem positivas, referentes aos componentes da variância e aos dois primeiros valores singulares, respectivamente. A análise visual desses gráficos reforça os resultados dos testes de convergência. Os traços para os demais valores singulares encontram-se em anexo (Figura 15).

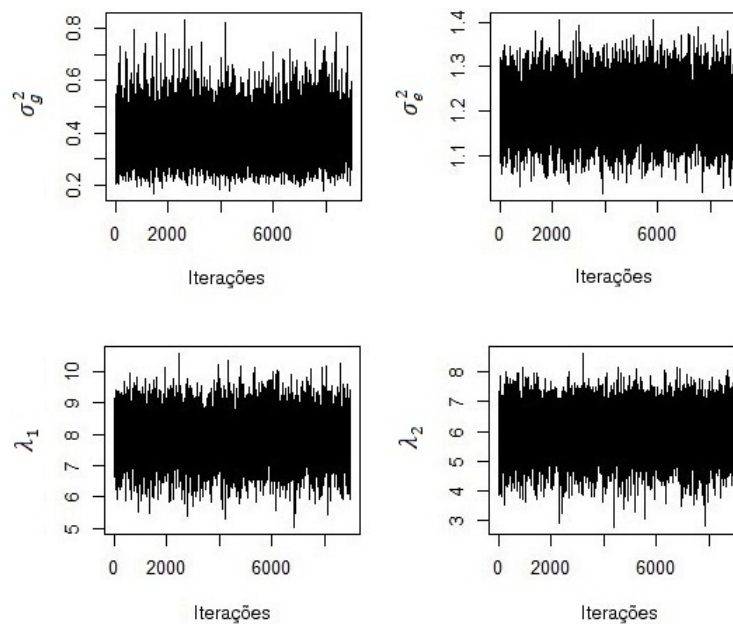


Figura 6 Traços das cadeias MCMC para as componentes de variância e para os dois primeiros valores singulares.

4.1.1 Estimativas pontuais e regiões de credibilidade univariadas para efeitos principais de genótipos e componentes de variância.

As observações MCMC, geradas pelo amostrador de Gibbs, foram utilizadas para produzir estimativas pontuais e regiões de credibilidade referentes aos parâmetros lineares do modelo. A função perda considerada foi a função em perdas quadráticas, de forma que as estimativas para os parâmetros \mathbf{g} , σ_e^2 e σ_g^2 são obtidas pelas médias marginais a posteriori. As médias e intervalos de credibilidade (a 95% de credibilidade) dos valores genotípicos, para os 55 genótipos, em análise, podem ser visualizados na Figura 7. Os valores para efeitos de genótipos estão em ordem crescente de magnitude da esquerda para direita. Existência

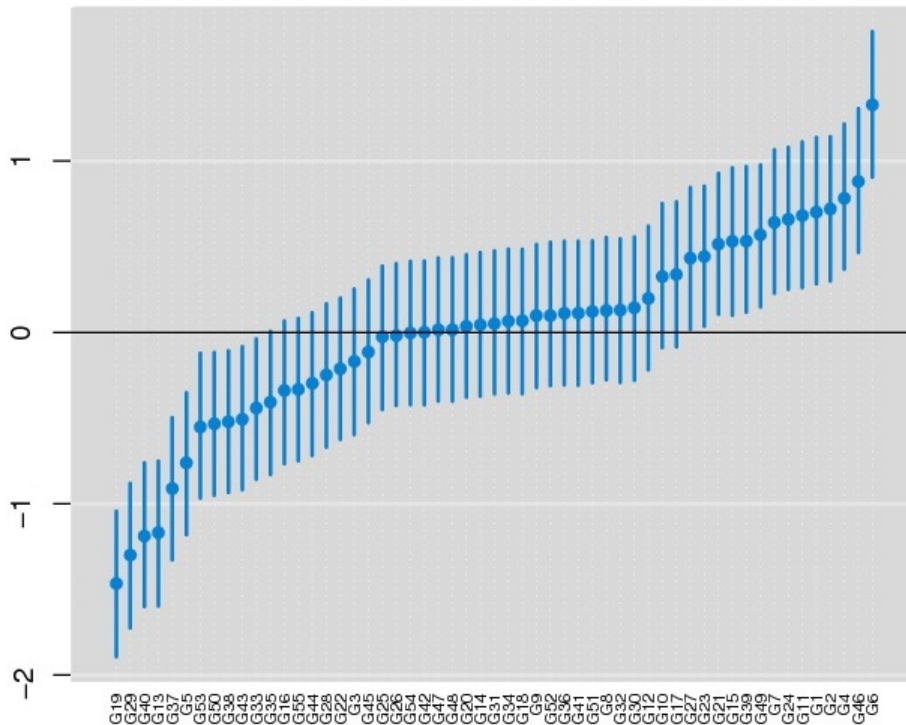


Figura 7 Média a posteriori e regiões de credibilidade HPD (á 95% de credibilidade) para efeito de genótipos referentes aos dados provenientes do ensaio de 55 genótipos em 9 ambientes.

de sobreposições entre as regiões de credibilidade HPD, para efeito de genótipo, indicam que os respectivos genótipos possuem respostas similares. Na direita da representação gráfica, é possível observar que o valor genotípico de $G6$ possui uma resposta média expressiva quando comparado aos valores dos genótipos, cujas regiões de credibilidade não incluem o valor zero (com valores maiores que zero), que apresentam valores médios mais próximos entre si. Contudo, pode-se perceber que, para esse subgrupo de genótipos, apenas os genótipos $G23$ e $G27$ possuem respostas significativamente diferentes comparadas a de $G6$. Outras distinções com relação a esse subgrupo de populações não podem ser feitas, já que para os demais níveis as regiões de credibilidade estão sobrepostas.

Situação semelhante pode ser observada à esquerda do gráfico para os genótipos $G13$, $G19$, $G29$ e $G40$, com médias para efeitos principais relativamente menores entre os genótipos, cujos valores são significativamente inferiores a zero. Dentre os genótipos cujas regiões HPD incluem apenas valores menores que zero é possível observar que o valor para o efeito de genótipo de $G19$ é significativamente inferior aos valores dos genótipos $G33$, $G38$, $G43$, $G50$ e $G53$, a 95% de credibilidade, já que as regiões de credibilidade a posteriori não se sobrepõem. A resposta do genótipo $G29$, por sua vez, é significativamente diferente quando comparada com a resposta de $G33$. Para os demais níveis desse subgrupo de populações, existem sobreposições das regiões de credibilidade, indicando não existirem diferenças significativas entre os valores genotípicos.

Os demais genótipos não apresentaram efeitos significativos a 95% de credibilidade, ou seja, as regiões de credibilidade HPD para os efeitos de genótipos incluem o valor zero, embora existam sobreposições de regiões de credibilidade com os subgrupos de populações referidos anteriormente.

Para as componentes da variância σ_g^2 e σ_e^2 , foram obtidas médias iguais

a 0,3474 e 1,2002 com regiões de credibilidade HPD [0,2253, 0,5421] e [1.0985, 1.3065], respectivamente. Considerando apenas os valores dos efeitos dos genótipos, pode-se concluir que aqueles, cujos valores são maiores que zero (regiões de credibilidade não incluem o valor zero), têm valores superiores à média geral da população. Os genótipos cujos efeitos genotípicos não diferem significativamente de zero apresentam valores não diferentes da média da população. Os demais genótipos apresentam valores genotípicos inferiores à média geral populacional. Contudo, para se chegar a conclusões mais precisas a respeito dos genótipos avaliados, é preciso ainda considerar o efeito de interação relacionado aos parâmetros bilineares do modelo, o que será considerado a partir do próximo item. No apêndice são apresentadas as Tabelas 3, 4 e 5 com os resumos descritivos relativos aos efeitos de genótipos. Em anexo, encontram-se os traços e densidades a posteriori, para efeito de genótipos que foram significativamente maiores que zero (Figuras 16 a 20).

4.1.2 Inferências pontuais e regiões de credibilidade univariadas para os parâmetros da interação

As estimativas a posteriori para os valores singulares λ_k , semelhante aos efeitos principais e componentes de variância, são obtidas pelas médias a posteriori, utilizando amostras das cadeias MCMC. Os vetores α_k e γ_k , por sua vez, podem ser estimados como descritos em métodos (subseção 3.2.5). No apêndice, encontram-se as Tabelas 6, 7, 8 e 9, com as estimativas bayesianas para as coordenadas dos dois primeiros vetores singulares genotípicos e ambientais, assim como as Tabelas 14 e 15 com as soluções por DVS. Pode-se constatar que os vetores singulares estimados pelas médias das observações obtidas pelas cadeias de Markov possuem valores bem próximos aos das estimativas por DVS (da matriz de BLUPs

de GE). São apresentadas ainda as estimativas propostas por Liu (2001). A Figura 8 apresenta as densidades marginais a posteriori das primeiras coordenadas de α_k e γ_k .

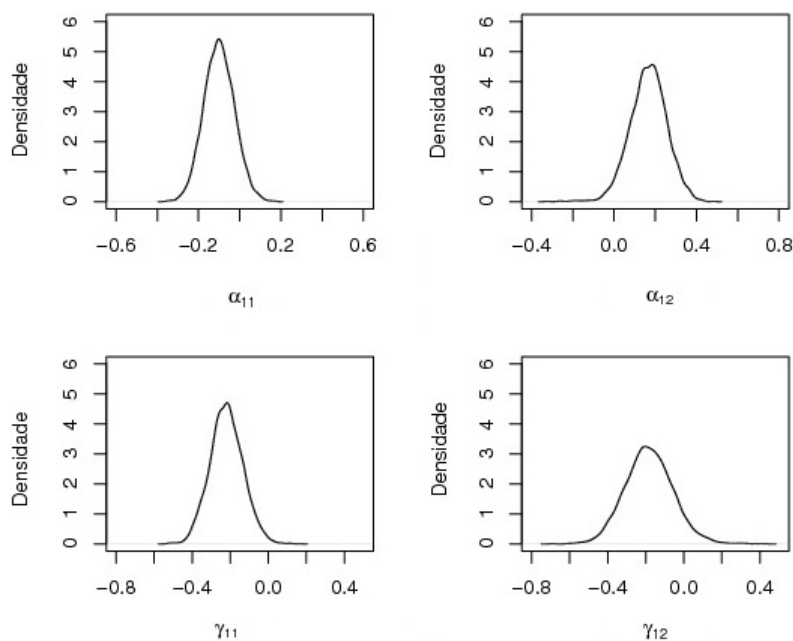


Figura 8 Densidades marginais a posteriori para as primeiras coordenadas referentes aos dois primeiros vetores singulares genotípicos e ambientais, α_{11} , α_{12} , γ_{11} e γ_{12} , respectivamente.

Como esperado, essas densidades possuem relativa simetria e seus valores estão compreendidos entre $[-1, 1]$ (os vetores têm norma unitária). Como as amostras são provenientes de cadeias geradas por distribuições Von Mises-Fisher, observa-se que, para os primeiros vetores singulares, tem-se uma maior precisão para as estimativas. Esse fato é constatado pela observação das menores variâncias das coordenadas dos primeiros vetores singulares genotípicos e ambientais, quando comparadas com as coordenadas dos vetores singulares subsequentes.

A partir da tabelas Tabela 6, 7, 8 e 9, em apêndice, é possível constatar

que os desvios padrão para as coordenadas dos primeiros vetores singulares genotípicos e ambientais (α_1, γ_1) são menores quando comparados com as respectivas coordenadas dos segundos vetores singulares (α_2, γ_2) . Esse fato é refletido também com relação ao intervalo HPD, que para as coordenadas dos primeiros vetores singulares são mais estreitos, indicando melhor precisão para as estimativas. Como destacado por Crossa et al. (2011), os primeiros componentes discriminam mais as observações que os segundos e demais componentes. Isso pode ser observado, a partir das densidades apresentadas na Figura 8 e demais figuras em anexo (Figuras 21 a 25).

Essa situação pode ser explicada pela teoria da análise de componentes principais, em que o primeiro autovalor λ_k^2 ou primeiro eixo PC1 (ou IPCA1) explica a maior parte da variabilidade e, por conseguinte, tem-se $(\lambda_1^2 > \dots > \lambda_t^2)$. As raízes quadradas desses termos, valores singulares, estão presentes no parâmetro de concentração das distribuições VMF, e quanto maior o parâmetro de concentração mais os pontos se agrupam ao redor da média direcional, representada pelas médias a posteriori marginais das coordenadas dos vetores singulares.

Este fato é relativamente interessante, e requer alguma reflexão. Para valores singulares relacionados a componentes principais de maior ordem, a amostragem é realizada nas superfícies de hiperesferas cujos pontos estão mais dispersos. Esta situação seria semelhante a amostrar de uma distribuição, aproximadamente esférica uniforme, para estes vetores, relacionados a dimensões mais elevadas, já que para o parâmetro de concentração com valor igual a zero a função de densidade Von Mises-Fisher se reduz á densidade uniforme esférica (MARDIA; KENT; BIBBY, 1979). O parâmetro de concentração cumpre um papel semelhante ao da variância. Contudo, o primeiro informa sobre concentração em torno da média direcional, enquanto a última especifica sobre a dispersão dos dados em relação á

média.

Na Tabela 2, são apresentadas as médias, desvios padrão e intervalos de credibilidade (ao nível de 95% de credibilidade) para os valores singulares. Como pode ser visto, as estimativas concordam com as restrições da decomposição por valores singulares DVS $\hat{\lambda}_k \geq \hat{\lambda}_{k+1}$ (ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1998).

Tabela 2 Médias a posteriori, desvio padrão (DP), regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para os valores singulares e BLUPs do modelo misto.

Parâmetro	Média	DP	Regiões HPD à 95%		BLUPs do modelo misto
			LI	LS	
λ_1	7.9022	0.6958	6.5178	9.2556	7.0274
λ_2	5.9780	0.7446	4.4679	7.3620	5.8867
λ_3	4.6053	0.8457	3.0003	6.1830	5.2784
λ_4	2.2678	1.1474	0.0011	4.0050	4.3090
λ_5	1.0579	0.8465	< 0.0001	2.6703	4.1613
λ_6	0.4776	0.5054	< 0.0001	1.5258	3.8573
λ_7	0.2134	0.2721	< 0.0001	0.7802	2.7660
λ_8	0.1087	0.1644	< 0.0001	0.4504	2.3792

Embora não seja objetivo deste trabalho selecionar modelos, por meio de testes estatísticos, pode ser percebido pela magnitude dos valores singulares que o número de componentes retidos seria menor ou igual a três (a variabilidade captada pelos três primeiros eixos corresponde cerca de 94.8% da variabilidade total). Esse fato evidencia que a maior concentração de pontos é observada em torno das médias relacionadas às superfícies das esferas de menor dimensão. Seleção de modelos no contexto do AMMI-bayesiano tem sido realizada utilizando critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano (BIC) e fator de Bayes (LIU, 2001; PERES-ELIZALDE; JARQUIN; CROSSA, 2011).

É possível perceber, a partir da Tabela 2, que os desvios padrão a posteri-

ori, para os valores singulares aumentam em ordem crescente para as estimativas até o λ_4 . As amplitudes das regiões de credibilidade também aumentam seguindo a mesma ordem, para estes primeiros valores singulares, indicando uma maior precisão para a estimação do primeiro valor singular em relação ao segundo e assim por diante até o quarto.

Mesmo considerando prioris não informativas para os parâmetros bilineares do modelo, observa-se efeito de encolhimento das estimativas bayesianas a partir do quarto valor singular, quando comparadas aos BLUPs do modelo misto (valores iniciais para o amostrador de Gibbs). Crossa et al. (2011) e Liu (2001) observaram resultados semelhantes em suas análises e constataram que as estimativas bayesianas para os valores singulares têm valores menores que as estimativas de mínimos quadrados e maiores que as estimativas com efeito shrinkage, propostas por Cornelius e Crossa (1999), para o modelo AMMI com efeitos fixos.

Crossa et al. (2011) concluem que as estimativas bayesianas para os valores singulares, considerando o modelo AMMI-bayesiano, com prioris não informativas, corrigem o viés dos estimadores propostos por Cornelius e Crossa (1999), que tendem a subestimar λ_k . Liu (2001) compara estimativas bayesianas com estimativas frequentistas, em especial estimativas shrinkage, e explora maneiras de obter estimativas não viesadas, ou aproximadamente não viesadas, via escolha de prioris apropriadas para λ_k . Na Figura 9, apresentam-se os histogramas para as distribuições marginais a posteriori dos valores singulares do modelo AMMI-bayesiano. Esses histogramas apresentam densidades condizentes com as restrições do modelo, que devem satisfazer $\lambda_k \geq \lambda_{k+1}$.

Pode-se perceber, pela análise gráfica, que para λ_1 e λ_2 as frequências são mais altas no centro e decrescem gradualmente para as caudas de maneira aproximadamente simétrica (forma de sino). Observa-se, ainda, que a média, moda e

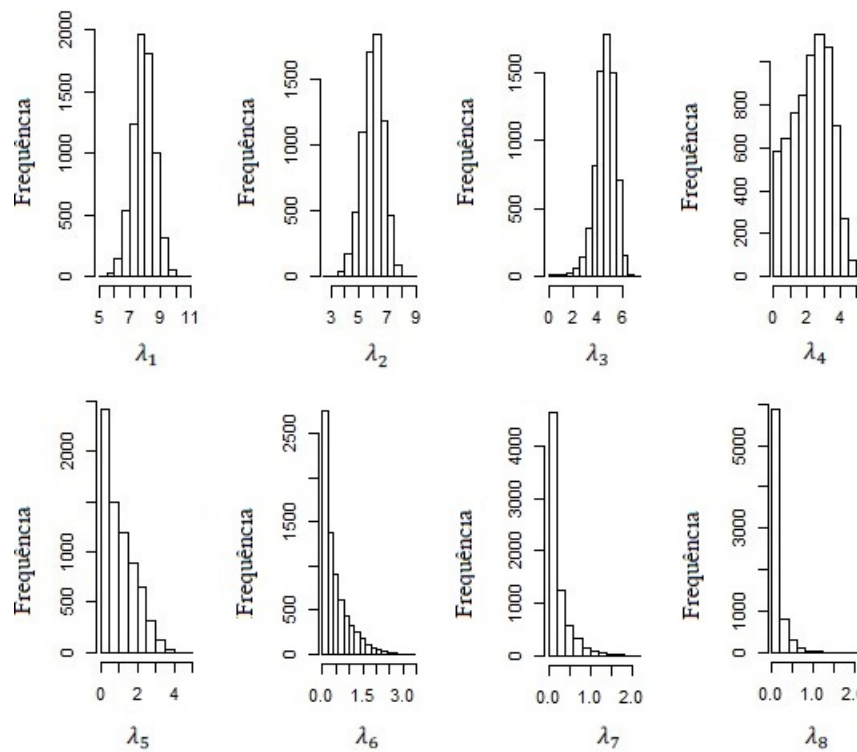


Figura 9 Histogramas das densidades marginais a posteriori para os valores singulares.

mediana parecem estar localizadas próximas ao centro do histograma (são aproximadamente iguais). Dessa forma, as densidades para esses primeiros valores singulares aparentam ser normais. Para os valores singulares subsequentes, os histogramas se tornam cada vez mais assimétricos. É possível constatar, a partir do primeiro valor singular, e em ordem decrescente, que as distribuições tendem a se deslocarem cada vez mais para esquerda e com médias cada vez mais próximas de zero. Novamente é importante ressaltar que esse fato concorda com a teoria da análise de componentes principais, em que os primeiros eixos captam mais variabilidade que o segundo e assim por diante (GAUCH; ZOBEL, 1996).

4.1.3 Regiões de credibilidade para os escores genotípicos e ambientais referentes aos dois primeiros eixos de interação

Como já especificado, as variáveis de interesse para a avaliação da estabilidade e adaptabilidade genotípica são os escores genotípicos e ambientais, obtidos pela multiplicação das raízes quadradas dos valores singulares pelas coordenadas dos vetores singulares $\lambda_k^{1/2} \alpha_{ik}$ e $\lambda_k^{1/2} \gamma_{jk}$, para $i = \{1, 2, \dots, 55\}$ e $j = \{1, 2, \dots, 9\}$. As cadeias MCMC foram utilizadas para obtenção da amostra para estas variáveis. Na Figura 10, são apresentadas as densidades marginais a posteriori para os escores $\lambda_1^{1/2} \alpha_{11}$, $\lambda_2^{1/2} \alpha_{12}$, $\lambda_1^{1/2} \gamma_{11}$ e $\lambda_2^{1/2} \gamma_{12}$.

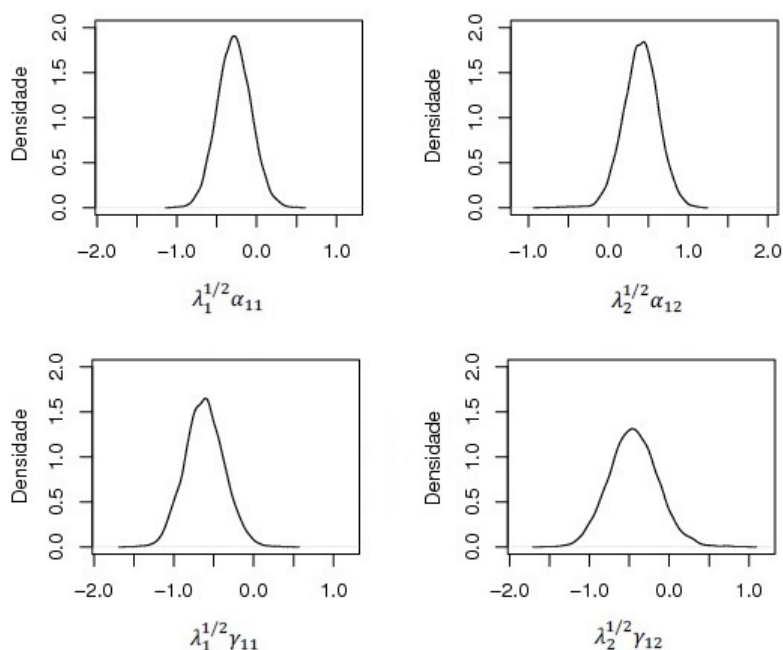


Figura 10 Densidades a posteriori para os escores genotípicos e ambientais referentes aos dois primeiros eixos principais relacionados ao genótipo G1 e ao ambiente A1, respectivamente.

Como pode ser observado as densidades para os escores apresentados na

Figura 10 parecem ter tendência à simetria (forma de sino), de modo que os respectivos escores aparentam ter distribuições normais. Em anexo são apresentadas densidades para outros escores (Figuras 26 a 30), bem como os resumos descritivos a posteriori para os escores genotípicos e ambientais, relacionados aos dois primeiros eixos principais (Tabelas 10 a 13).

As elipses de credibilidade foram construídas para as variáveis $(\lambda_1^{1/2}\alpha_{i1}, \lambda_2^{1/2}\alpha_{i2})$ e $(\lambda_1^{1/2}\gamma_{j1}, \lambda_2^{1/2}\gamma_{j2})$ utilizando as distâncias euclidianas dos pontos amostrais em relação ao centro da distribuição, conforme o procedimento descrito na subseção (3.2.6). Sobreposições entre as regiões de credibilidade indicam que os valores dos escores não são estatisticamente diferentes entre si e, portanto, pode-se interpretar os respectivos genótipos ou ambientes como parte de um grupo homogêneo (com características semelhantes em relação ao efeito da $G \times E$) como destacado por Crossa et al. (2011).

Por outro lado, valores da interação, referentes aos escores cujas regiões de credibilidade englobem a origem $(0, 0)$, são considerados como não estatisticamente diferentes de zero, ao nível de credibilidade considerada. Os genótipos (ou ambientes) relacionados aos escores cujas regiões de credibilidade abrangem a origem são considerados estáveis, ou seja, não têm contribuição significativa para a interação $G \times E$ (CROSSA et al., 2011; DENIS; GOWER, 1996).

Na Figura 11, são apresentadas as regiões de credibilidade elípticas para os escores genotípicos, ao nível de 95% de credibilidade. Para maior simplicidade e facilidade de interpretação, somente os escores cujas regiões de credibilidade não englobaram a origem, foram representados no biplot. É possível observar, de acordo com a representação biplot, que os genótipos $G13$, $G19$ e $G35$, à esquerda do eixo PC2, formam um subgrupo homogêneo (sobreposição das elipses) cuja interação é significativamente diferente de zero, já que o ponto $(0,0)$ não pertence a

região de credibilidade. Por outro lado, os genótipos G_{47} , G_2 e G_{27} formam outro subgrupo homogêneo, também estatisticamente diferente de zero, ao mesmo nível de credibilidade considerado. A partir da representação biplot pode-se declarar que estes subgrupos são distintos, no que se refere ao efeito da interação $G \times E$.

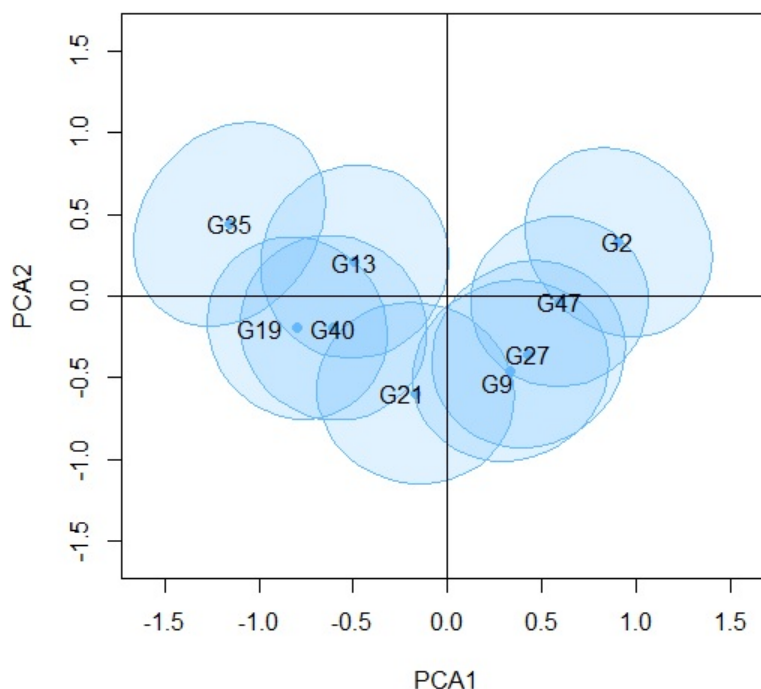


Figura 11 Regiões de credibilidade a 95% para os escores genotípicos, referentes aos dois primeiros eixos principais, somente regiões que não englobaram a origem estão representadas.

Como é possível perceber, os genótipos G_9 , G_{21} e G_{40} possuem alguma similaridade entre si à 95% de credibilidade. Dessa forma, se incluíssemos esses genótipos aos subgrupos formados, não poderíamos considerar esses dois subgrupos referidos como estatisticamente distintos. Contudo, para fins práticos, poder-se-ia considerar os grupos $\{G_{13}, G_{19}, G_{35}, G_{40}\}$, $\{G_2, G_9, G_{27}, G_{47}\}$ e $\{G_{21}\}$. Os demais escores formam um quarto subgrupo, cujas regiões de credibilidade co-

brem a origem (não são significativamente diferente de zero), a 95%, de probabilidade. Dessa forma, pode-se interpretar os genótipos relacionados aos escores como sendo estáveis, ou seja, que contribuem pouco ou quase nada para a interação entre genótipos e ambientes.

Na Figura 13, apresenta-se o biplot com relação aos escores ambientais. De modo semelhante ao descrito para os genótipos, é possível formar subgrupos de ambientes similares com relação ao efeito de interação $G \times E$, observando as regiões de credibilidade. Cada subgrupo é formado por ambientes cujos escores são não estatisticamente diferentes ao nível de 95% credibilidade (elipses de credibilidade sobrepostas).

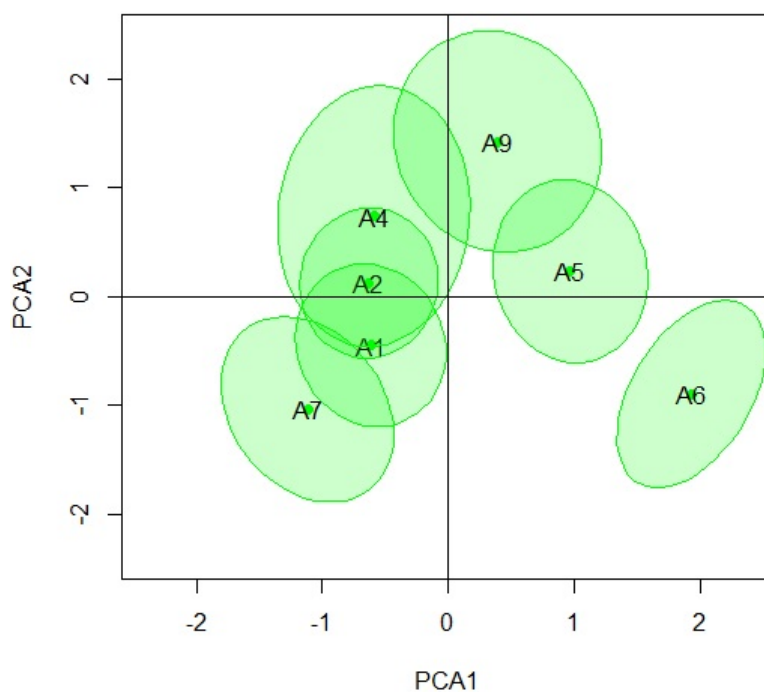


Figura 12 Regiões de credibilidade a 95% para os escores ambientais referentes aos dois primeiros eixos principais, somente as regiões que não englobam a origem estão representadas

À esquerda do gráfico, tem-se o subgrupo homogêneo formado pelos ambientes *A1*, *A2* e *A7*. Outro subgrupo homogêneo pode ser formado com os ambientes *A9* e *A5*. O ambiente *A6*, na parte inferior, à direita do gráfico biplot é, estatisticamente, diferente de todos os demais ambientes. Esses três subgrupos de ambientes podem ser considerados distintos, quanto ao efeito da $G \times E$, ao nível de credibilidade especificado acima.

É possível observar ainda a formação de subgrupos homogêneos como o constituído pelos ambientes *A1*, *A2*, *A7* e *A4* e o subgrupo formado por *A9* e *A4*. Contudo, esses subgrupos não podem ser considerados distintos, em decorrência da sobreposição entre as elipses de credibilidade relacionados à *A4* e *A9*. Por fim, os ambientes *A8* e *A3* formam um subgrupo homogêneo e estável, já que as regiões de credibilidade para os respectivos escores englobam a origem, e não foram representados. A partir das regiões de credibilidade para escores ambientais é possível selecionar ambientes para testes, visto que o ordenamento de genótipos naqueles ambientes considerados estáveis levará maior confiança ao melhorista como ressaltam Duarte e Vencovsky (1999). Outra possibilidade é a identificação de mega-ambientes, mas, para isso, o padrão observado no biplot deve se repetir em outros anos (YAN; KANG, 2003).

A visualização dos biplots para escores genotípicos (Figura 11) e ambientais (Figura 12) sugere que o subgrupo formado por *G2*, *G9*, *G27* e *G47* têm adaptabilidade específica aos ambientes *A5* e *A6*. Os genótipos *G9* e *G27* sugerem também interações positivas em relação a *A9*. Por outro lado, o subgrupo formado por *G13*, *G19*, *G35* e *G40* parecem adaptados ao subgrupo de ambientes formado por *A1*, *A2*, *A4* e *A7*. Por fim, o genótipo *G21* parece interagir positivamente tanto com os ambientes *A1*, *A2* e *A7* como *A5* e *A6*. Isto pode ser observado na Figura 14, em que as regiões de credibilidade para os escores da interação são

plotados conjuntamente.

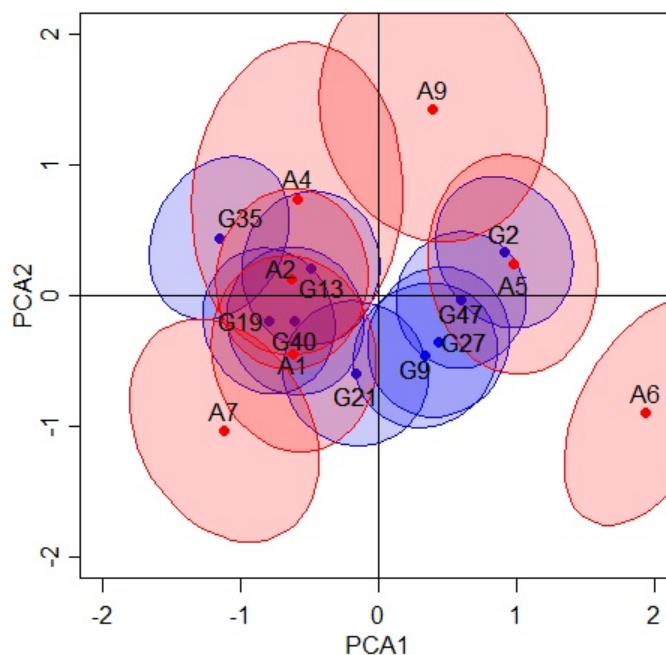


Figura 13 Regiões bivariadas a 95% de credibilidade para escores genotípicos e ambientais. Apenas regiões que não incluem a origem são apresentadas.

A partir das regiões de credibilidade elípticas consideradas para os escores genótipos e ambientais, bem como pela Figura 7, na subseção (4.2), pode-se chegar a importantes conclusões a respeito dos genótipos avaliados. Os genótipos apresentados na Figura 7, cujos valores genotípicos são maiores que zero, a 95% de probabilidade, são amplamente recomendados para todos os ambientes, com a exceção de *G2*, *G21* e *G27* que não são estáveis. Os Genótipos *G2*, *G21* e *G27*, também possuem respostas interessantes, contudo contribuem para interação $G \times E$, possuindo adaptações específicas a determinados ambientes, assim como combinações desfavoráveis a outros.

Os genótipos cujos valores para efeitos principais são estatisticamente inferiores a zero não são interessantes em nível de recomendação. Os demais genó-

tipos, como já relatado, são subpopulações cujas regiões de credibilidade incluem o valor zero, a 95% de credibilidade. Desses genótipos, *G47* e *G9* possuem interação positiva com os ambientes *A5* e *A6*. O genótipo *G35*, por sua vez, é adaptado aos ambientes *A1*, *A2* e *A4*.

5 DISCUSSÃO

A representação gráfica em biplot associada às regiões de credibilidade permitiu a identificação de genótipos e ambientes estáveis, além de grupos homogêneos de genótipos e ambientes com relação ao efeito da interação $G \times E$. Adaptabilidades específicas também puderam ser observadas. Essas regiões podem contribuir significativamente para auxiliar os pesquisadores em seu trabalho de seleção e recomendação dos melhores genótipos, em programas de melhoramento genético, já que oferecem um respaldo estatístico aos resultados das análises, diferentemente da análise AMMI convencional que não comporta qualquer medida da incerteza com relação aos escores plotados, como ressaltado por Crossa et al. (2011), Hu e Yang (2013) e Yang et al. (2009).

A abordagem aqui apresentada difere dos métodos bayesianos propostos até o momento, que consideram as mesmas restrições presentes no modelo AMMI convencional (restrições de identificabilidade). Este trabalho mostrou a grande flexibilidade para incorporar efeito aleatório a parâmetros, no contexto da inferência bayesiana. Considerando genótipos como aleatórios obtiveram-se predições mais acuradas dos valores genotípicos, o que vai de encontro aos objetivos dos melhoristas, permitindo obter inferências mais realistas que são de interesse para cultivo futuro e não sobre médias fenotípicas, que comportam alguma proporção referente aos efeitos das condições experimentais (PIEPHO et al., 2008; RESENDE; DUARTE, 2007; SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2001, 2005).

Existem outros métodos paramétricos para incorporar inferência à representação biplot, como as regiões de confiança propostas por Denis e Gower (1994, 1996). Entretanto, esse método não é facilmente estendido para mais que dois componentes bilineares ou para modelos mais complexos exigindo, ainda, suposições restritivas como normalidade assintótica. Procedimentos não paramétricos de inferência também têm sido implementados por meio de regiões de confiança bootstrap, como proposto por Lavoranti, Dias e Kraznowski (2007) e Yang et al. (2009). Esses métodos são atrativos por serem livres de pressuposições teóricas, em relação a distribuições de probabilidades. Além disso, o menor custo computacional e as facilidades em termos técnicos para sua implementação tende a favorecer esse tipo de aplicação, em detrimento às demais metodologias, apesar de trabalhos envolvendo inferência no biplot ainda serem escassos na literatura.

Não obstante, as facilidades oferecidas pelo método bootstrap, o processo de reamostragem computacionalmente intensivo nas linhas e colunas das matrizes de interação $G \times E$ é considerado um procedimento problemático como enfatizado por Yan et al. (2010). As posições dos escores em uma representação biplot são importantes para a análise e mutuamente definidas, de forma que os sinais e os valores se tornam sem sentido quando escores genotípicos são separados de escores ambientais aleatoriamente. Nesse sentido, há que se concordar com Yan et al. (2010), quando argumentam que padrões da $G \times E$ não podem ser testados a partir de procedimentos bootstrap, semelhantes ao proposto por Yang et al. (2009), cuja única conclusão possível seria rejeitar os padrões da interação $G \times E$ observados nos dados originais já que, esses padrões são “destruídos” pelo processo de reamostragem.

Por outro lado, o método apresentado neste trabalho possibilita tratar esse problema por meio de uma abordagem paramétrica flexível já que, toda inferên-

cia é realizada diretamente da distribuição a posteriori. Além disso, a abordagem bayesiana permite lidar com dados em falta e heterogeneidade de variâncias que são comuns em conjuntos de dados METs, o que representa uma grande vantagem em relação aos modelos frequentistas com efeitos fixos. Ressalta-se ainda a grande flexibilidade do método bayesiano para incorporar informações adicionais ao modelo, como matrizes com coeficientes de parentesco e dados históricos de experimentos que podem melhorar a acurácia das predições e têm sido utilizados, no melhoramento de plantas, para a identificação de grupos parentais promissores (KELLY et al., 2007, 2009; PIEPHO et al., 2008). Perez-Elizalde, Jarquin e Crossa (2011), à luz dos trabalhos pioneiros de Liu (2001) e Vielle e Srivivasan (2000), mostraram como incorporar informações referentes a experimentos anteriores ao processo de análise no modelo AMMI-Bayesiano.

Como já ressaltado, construir regiões de credibilidade é uma tarefa complicada, quando não se conhece a forma das densidades bivariadas a posteriori, para os escores da interação, motivo pelo qual não se pode garantir que as regiões aqui apresentadas sejam HPD. Crossa et al. (2011) e Perez-Elizalde, Jarquin e Crossa (2011) apresentaram regiões de credibilidade bivariadas HPD para os escores genotípicos e ambientais. Contudo, não está claro como tais regiões foram construídas.

Apesar da grande versatilidade, o método bayesiano aplicado a modelos multiplicativos constitui um tema relativamente novo, oferecendo diversas perspectivas para análise de dados em tabelas de dupla entrada. A incorporação da abordagem bayesiana a outros modelos lineares-bilineares é possível, como destacam Crossa et al. (2011) e Liu (2001), carecendo novas investigações, que certamente serão objeto de futuras investigações. Esse método poderia também ser estendido a outras áreas de pesquisa e, certamente, iria contribuir para melhorar

a qualidade da inferência, bem como para obter maior credibilidade a cerca dos resultados observados. Uma desvantagem dessa abordagem, em relação à análise convencional, seria a maior demanda por recursos e tempo computacionais. Todavia, essa situação pode ser amenizada pelo grande desenvolvimento tecnológico, principalmente na área computacional, e pelo trabalho de otimização dos algoritmos.

6 CONCLUSÃO

Constatou-se que as cadeias de Markov geradas pelo método MCMC apresentaram boas propriedades de convergência e que as estimativas marginais a posteriori são obtidas de forma direta para cada parâmetro.

O método bayesiano mostrou grande flexibilidade para incorporar as regiões de credibilidade ao biplot, bem como efeito aleatório para genótipos. Com o auxílio das regiões de credibilidade foi possível identificar grupos homogêneos de genótipos e ambientes que contribuem significativamente para a interação $G \times E$, bem como grupos de genótipos e ambientes estáveis. Adaptabilidade de genótipos a ambientes específicos também pode ser visualizada.

O ranqueamento dos BLUPs para efeitos de genótipos, obtidos pelas regiões de máxima densidade a posteriori (HPD), combinado com informações obtidas por meio das regiões de credibilidade incorporadas aos biplots possibilitou a identificação dos genótipos que podem ser amplamente recomendados, para todos os ambientes, além de combinações interessantes de genótipos a determinados ambientes, de forma a aproveitar o efeito positivo da interação GE.

REFERÊNCIAS

BATES, D. M.; WATTS, D. G. **Nonlinear regression analysis and its applications**. New York: J. Wiley, 1988. 365 p.

BOLSTAD, W. M. **Introduction to Bayesian statistic**. New Jersey: J. Wiley, 1943. 354 p.

BOX, G. E. P.; TIAO, G. C. **Bayesian inference in statistical analysis**. New York: A. Wesley, 1973. 588 p.

CASELLA, G.; BERGER, R. L. **Inferência estatística**. São Paulo: Cengage Learning, 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, July 1999.

CORNELIUS, P. L. Statistical tests and retention of terms in the additive main affects and multiplicative interaction model for cultivar trials. **Crop Science**, Madison, v. 33, n. 6, p. 1186-1193, 1993.

CORNELIUS, P. L.; CROSSA, J. Prediction assessment of shrinkage estimators of multiplicative models for multi-environment trials. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 4, p. 998-1009, July 1999.

CORNELIUS, P. L.; CROSSA, J.; SEYEDSADR, M. S. Statistical tests and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. (Org.). **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC, 1996. p. 199-234.

CORNELIUS, P. L.; SEYEDSADR, M. S. 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, May 1997.

CORNELIUS, P. L.; SEYEDSADR, M. S.; CROSSA, J. Using the shifted multiplicative model to search for “separability” in crop cultivar trials. **Theoretical Applied Genetics**, New York, v. 84, n. 1/2, p. 161-172, June 1992.

CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 44, 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, July 2011.

CROSSA, J.; YANG, R. C.; CORNELIUS, P. L. Studying crossover genotype x environment interaction using linear-bilinear models and mixed models. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, Alexandria, v. 9, n. 3, p. 362-380, 2004.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003. 585 p.

DENIS, J. B.; GOWER, J. C. Asymptotic confidence regions for biadditive models: interpreting genotype-environment interactions. **Journal of Applied Statistics**, Abingdon, v. 45, n. 4, p. 479-493, May 1996.

DENIS, J. B.; GOWER, J. C. Asymptotic covariances for parameters of biadditive models. **Utilitas Mathematica**, Winnipeg, v. 46, p. 193-205, 1994.

DENIS, J. B.; PAZMAN, A. Bias of LS estimators in nonlinear regression models with constraints: part II, biadditive models. **Journal of Applied Statistics**, Abingdon, v. 44, n. 5, p. 375-403, Oct. 1999.

DUARTE, J. B.; PINTO, R. M. C. Biplot AMMI graphic representation of specific combining ability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 2, p. 161-170, 2002.

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

FERREIRA, D. F. **Estatística multivariada**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2011. 676 p.

GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal components analysis. **Biometrika**, London, v. 58, 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**, London, v. 40, n. 2, p. 186-196, 1978.

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

GAUCH, H. G. Model selections and validation for yield trials with interactions. **Biometrics**, Washington, v. 44, p. 705-715, 1988.

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

GAUCH, H. G.; PIEPHO, H. P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. **Crop Science**, Madison, v. 48, n. 3, p. 866-889, 2008.

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

GELFAND, A. E.; SMITH, A. F. M. Sampling based approaches to calculating marginal densities. **Journal of the American Statistical Association**, Alexandria, v. 85, n. 410, p. 398-409, June 1990.

GELMAN, A. et al. **Bayesian data analysis**. 2nd ed. Boca Raton: CRC, 2003. 665 p.

GEMAN, S.; GEMAN, D. Stochastic relaxation, gibbs distribution and the Bayesian restoration of imagens. **IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence**, New York, v. 6, p. 721-741, 1984.

GHOSH, J. K.; DELAMPADY, M.; SAMANTA, T. **An introduction to Bayesian analysis**: theory and methods. New York: Springer, 2006. 352 p.

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

GREENACRE, M. **Biplots in practice**. Bilbao: Fundación BBVA, 2010. 219 p.

HARVILLE, D. A. **Matrix algebra from a statistician's perspective**. New York: Springer, 1997. 634 p.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, Landing, v. 31, n. 6, p. 1109-1144, 1983.

HU, Z.; YANG, R. Improved statistical inference for graphical description and interpretation of genotype *times* environment interaction. **Crop Science**, Madison, v. 53, n. 6, p. 2400-2410, 2013.

JAMMALAMADAKA, S. R.; SENGUPTA, A. **Topics in circular statistics**. New York: World Scientific, 2001. 322 p.

KELLY, A. M. et al. The accuracy of varietal selection using factor analytic models for multi-environment plant breeding trials. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 3, p. 1063-1070, 2007.

KELLY, A. M. et al. Estimation in a multiplicative mixed model involving a genetic relationship matrix evolution. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 41, n. 1, p. 1-9, Apr. 2009.

KEMPTON, R. A. The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 103, p. 123-135, 1984.

LAVORANTI, O. J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “bootstrap” no modelo AMMI**. 2003. 166 p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2003.

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

LIU, G. **Bayesian computations for general linear-bilinear models**. 2001. 150 p. Thesis (Doctor of Philosophy) - University of Kentucky, Lexington, 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.

MAIA, M. C. C. et al. AMMI Bootstrap no estudo da interação genótipos por ambientes em soja. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 24, n. 3, p. 7-24, 2006.

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

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

MARDIA, K. V.; KENT, J. T.; BIBBY, J. M. **Multivariate analysis**. London: Academic, 1979. 521 p.

MARDIA, K. V.; KENT, J. T.; BIBBY, J. M. **Multivariate analysis**. London: Academic, 1979.

MOOD, A. M.; GRAYBILL, F. A.; BOES, D. C. **Introduction to the theory of statistics**. 3rd ed. Tokyo: McGraw-Hill, 1974. 564 p.

OOMS, J. C. L. **The highest posterior density posterior prior for Bayesian model selection**. Disponível em: <http://igiturarchive.library.uu.nl/student-theses/2009-0708-202210/thesis-Jeroen_Ooms.pdf>. Acesso em: 12 nov. 2013.

PAULINO, C. D.; TURKMAN, M. A. A.; MURTEIRA, B. **Estatística Bayesianana**. Lisboa: 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 OE environment interaction. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, Alexandria, v. 17, n. 1, p. 15-37, 2011.

PIEPHO, H. P. Robustness of statistical test for multiplicative terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trial.

Theoretical Applied of Genetics, Berlin, v. 90, n. 3/4, p. 438-443, Mar. 1995.

PIEPHO, H. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, Wageningen, v. 161, n. 1/2, p. 209-228, May 2008.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R**: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2012. Disponível em: <<http://www.r-project.org>>. Acesso em: 10 dez. 2012.

RAFTERY, A. E.; LEWIS, S. How many iterations in the Gibbs sampler? In: BERNARDO, J. M. et al. (Ed.). **Bayesian statistics**. Oxford: Oxford University, 1992. p. 763-773.

REIS, E. **Estatística multivariada aplicada**. 2. ed. Lisboa: Silabo, 2001. 344 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, set. 2007.

SILVA, R. R.; BENIN, G. Análises Biplot: conceitos, interpretações e aplicações. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 8, p. 1404-1412, ago. 2012.

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

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

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trend. **Biometrics**, Washington, v. 57, n. 4, p. 1138-1147, Dec. 2001.

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. 1/2, p. 201-219, Mar. 2000.

YAN, W. et al. Comment on “Biplot analysis of Genotype \times environment interaction: proceed with caution”, by R.-C. Yang, J. Crossa, PL Cornelius, and J. Burgueño in 2009 49: 1564-1576. **Crop Science**, Madison, v. 50, n. 4, p. 1121-1123, 2010.

YAN, W. et al. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplot. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 3, p. 596-605, June 2000.

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE Biplot analysis**: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. Boca Raton: CRC, 2003. 286 p.

YAN, W.; TINKER, A. Biplot analysis of multi environment trial data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 86, n. 3, p. 623-645, Mar. 2006.

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

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

ANEXO

A seguir são apresentadas figuras referentes aos traços das cadeias MCMC para os parâmetros λ_k 's para $k = \{3, 4, 5, 6, 7, 8\}$. São apresentadas ainda os traços das cadeias e densidades, a posteriori, para os efeitos de genótipos, cujos valores foram positivos e as densidades para as coordenadas de vetores singulares genotípicos e ambientais, bem como as densidades para os respectivos escores (genotípicos e ambientais), cujas regiões de credibilidade bivariadas, a 95% de credibilidade, não englobam a origem.

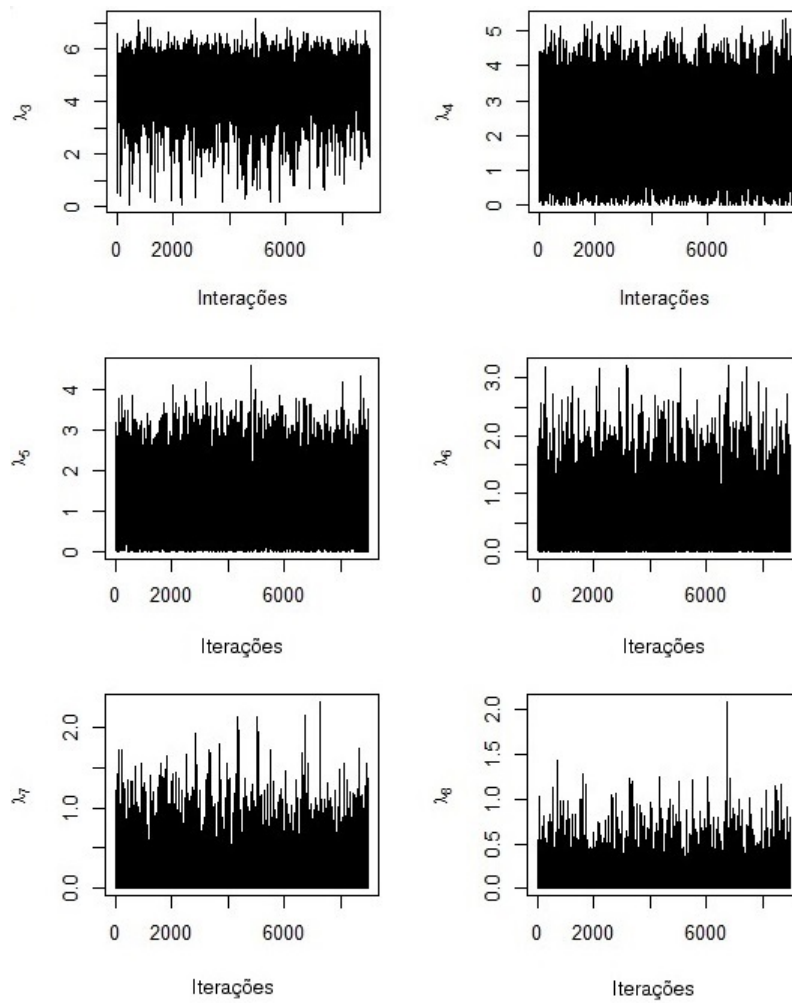


Figura 14 Traços das cadeias geradas pelo método MCMC para os valores singulares λ_3 , λ_4 , λ_5 , λ_6 , λ_7 e λ_8 .

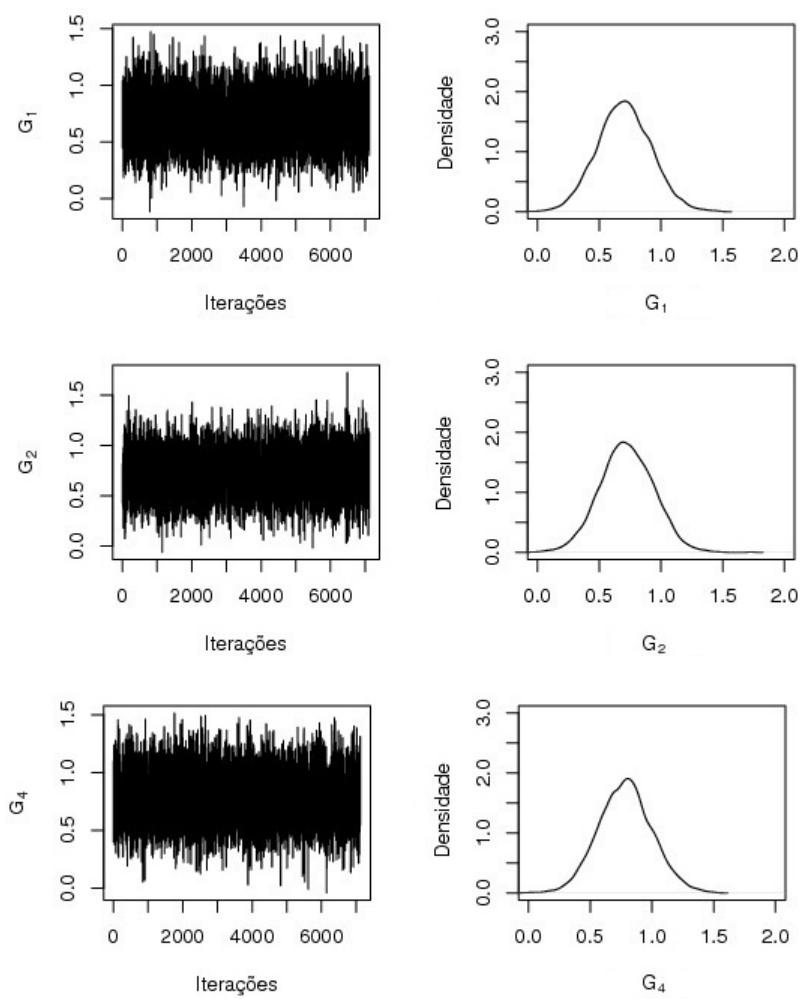


Figura 15 Traços das cadeias geradas pelo método MCMC e densidades a posteriori estimadas para os efeitos principais dos genótipos: G_1 , G_2 e G_4 .

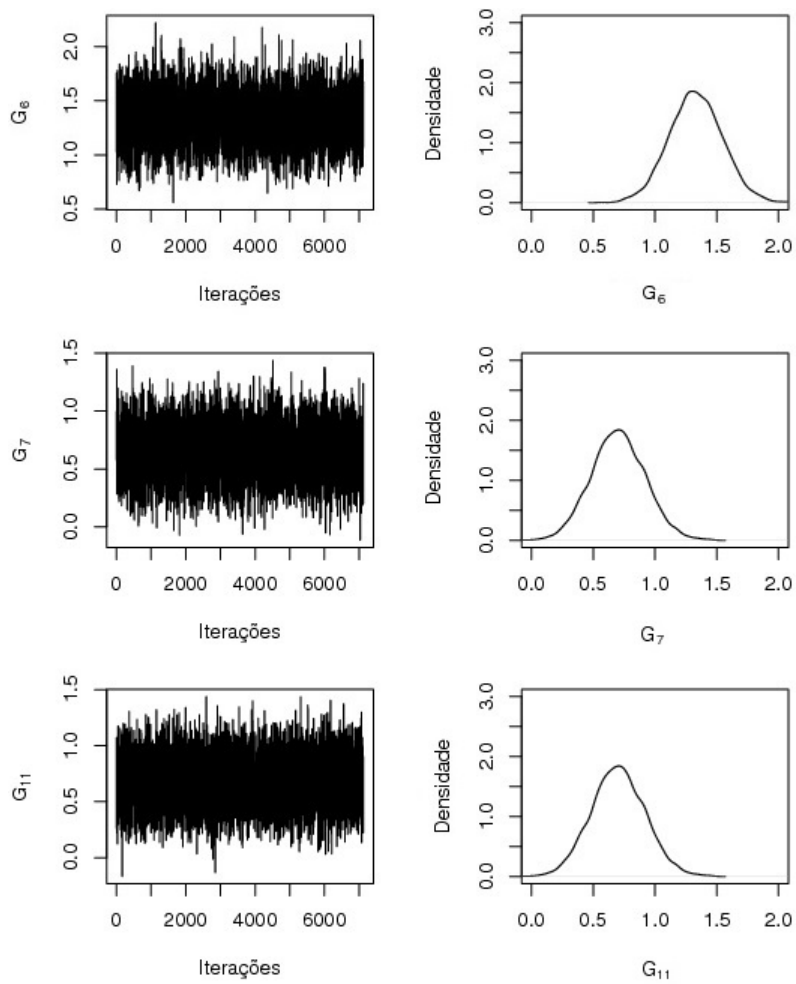


Figura 16 Traços das cadeias geradas pelo método MCMC e densidades a posteriori estimadas para os efeitos principais dos genótipos: G_6 , G_7 e G_{11} .

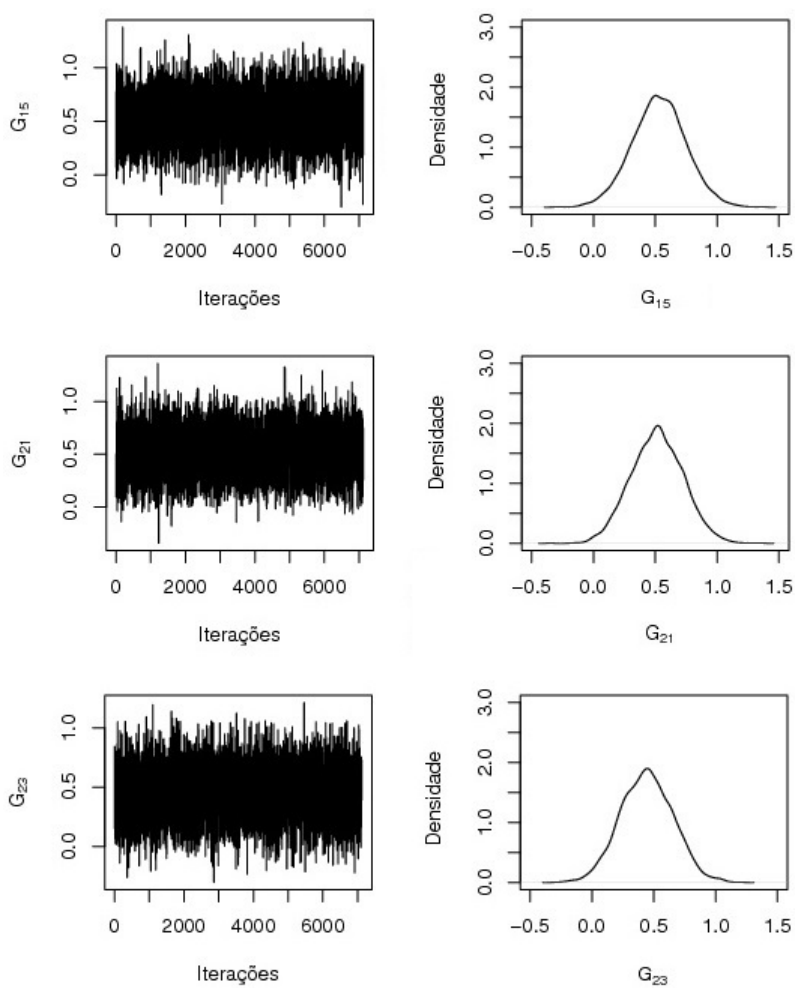


Figura 17 Traços das cadeias geradas pelo método MCMC e densidades a posteriori estimadas para os efeitos principais dos genótipos: G_{15} , G_{21} e G_{23} .

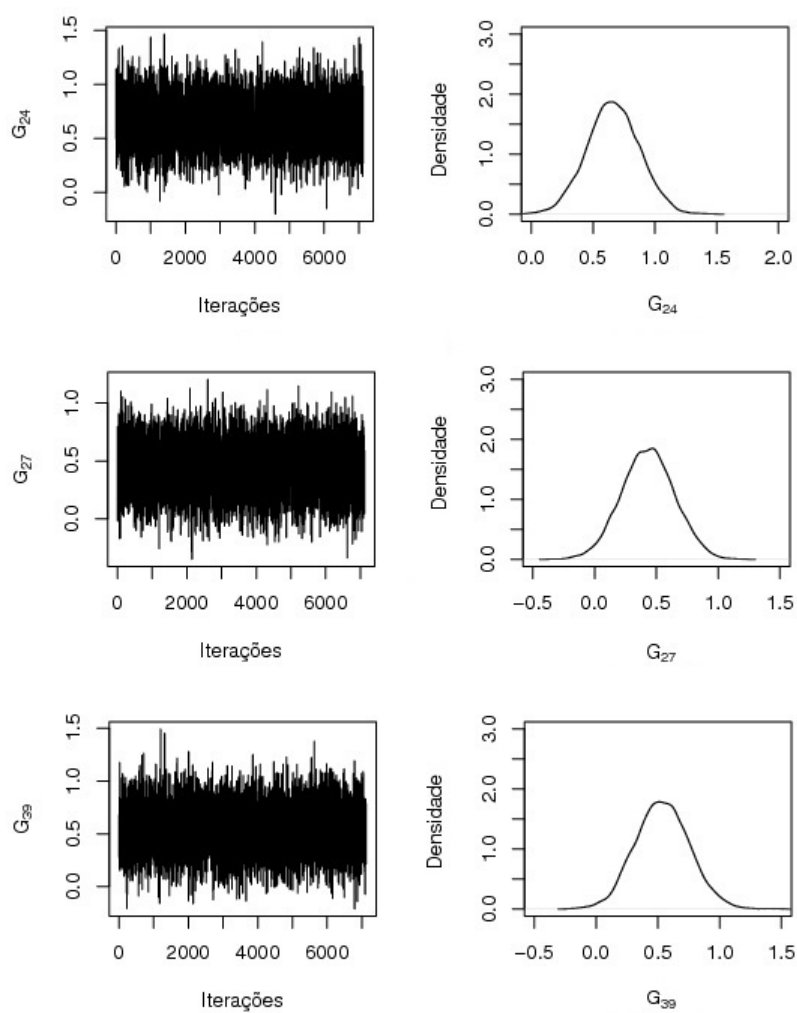


Figura 18 Traços das cadeias geradas pelo método MCMC e densidades a posteriori estimadas para os efeitos principais de genótipos: G_{24} , G_{27} e G_{39} .

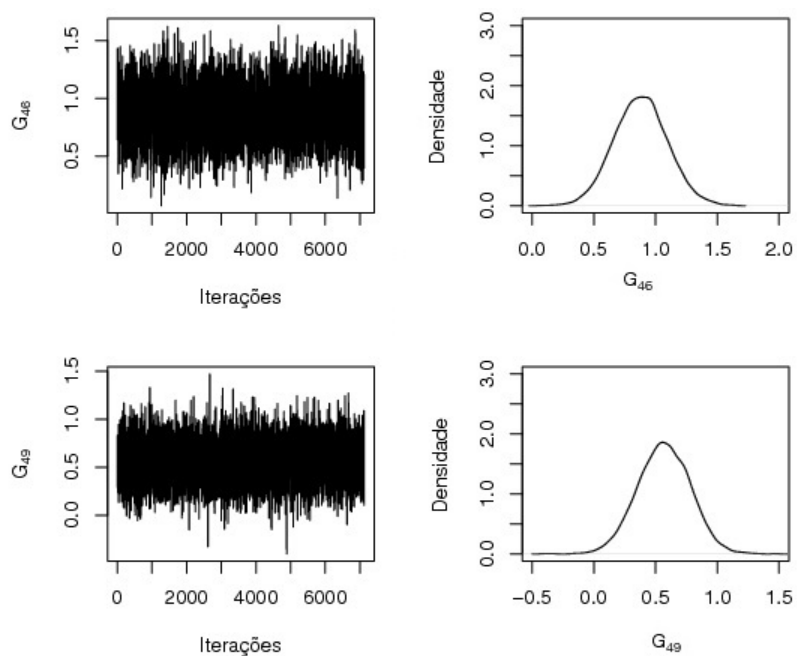


Figura 19 Traços das cadeias geradas pelo método MCMC e densidades a posteriori estimadas para os efeitos principais dos genótipos: G_{46} e G_{49} .

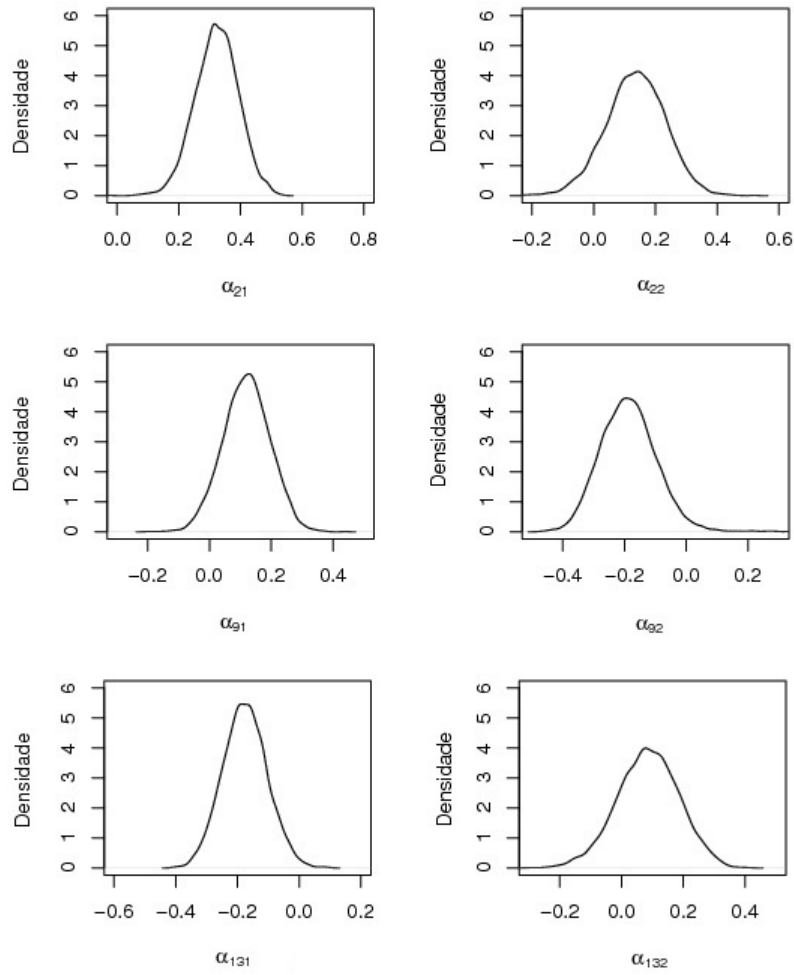


Figura 20 Densidades a posteriori estimadas para os parâmetros: α_{21} , α_{22} , α_{91} , α_{92} , α_{131} e α_{132} .

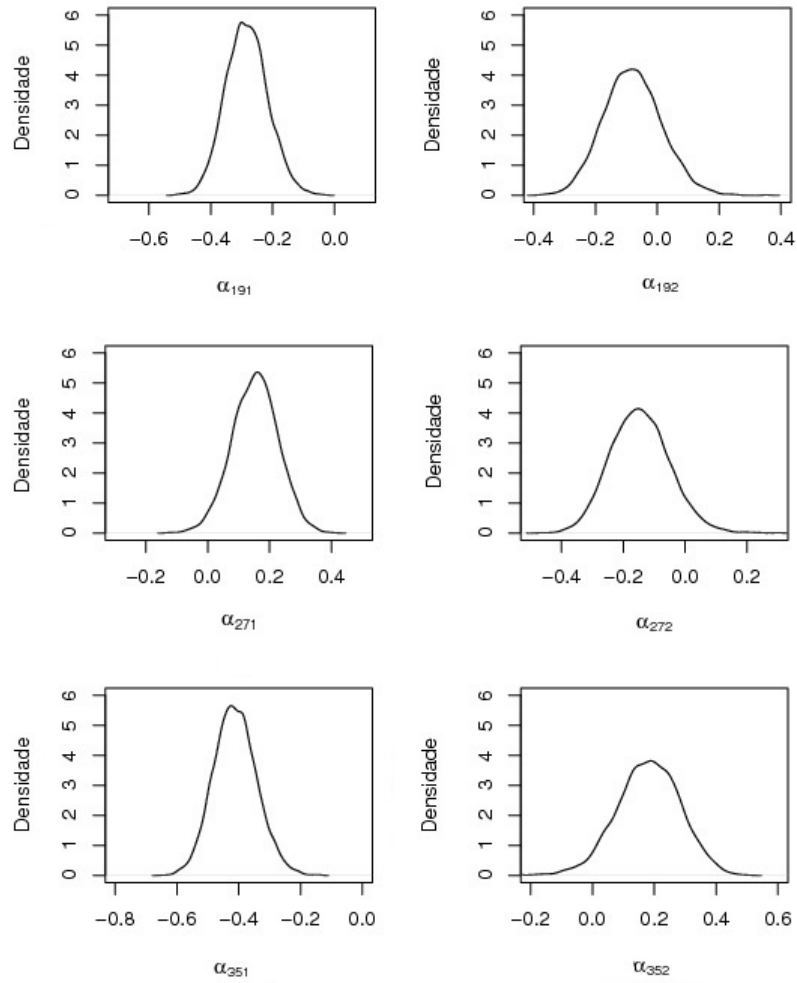


Figura 21 Densidades a posteriori estimadas para os parâmetros: α_{191} , α_{192} , α_{271} , α_{272} , α_{351} e α_{352} .

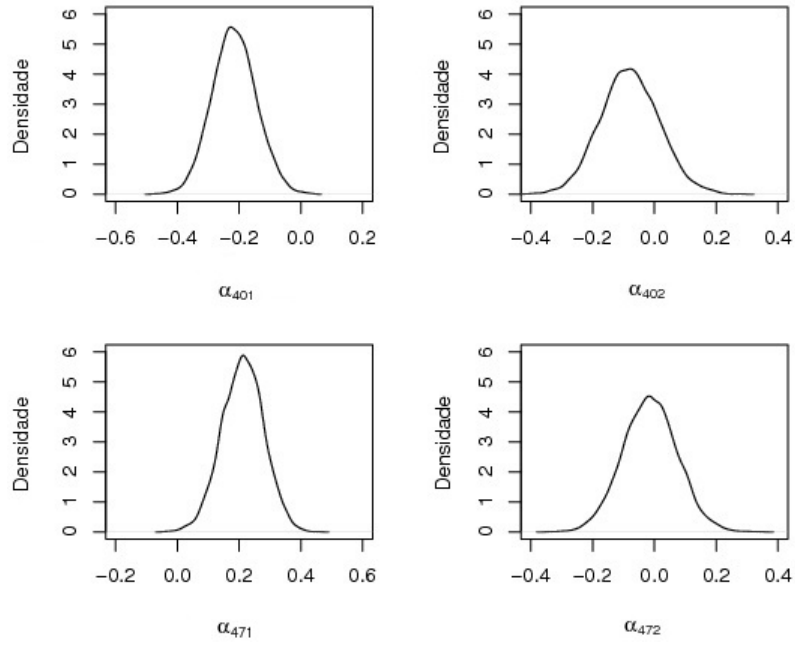


Figura 22 Densidades a posteriori estimadas para os parâmetros: α_{401} , α_{402} , α_{471} e α_{472} .

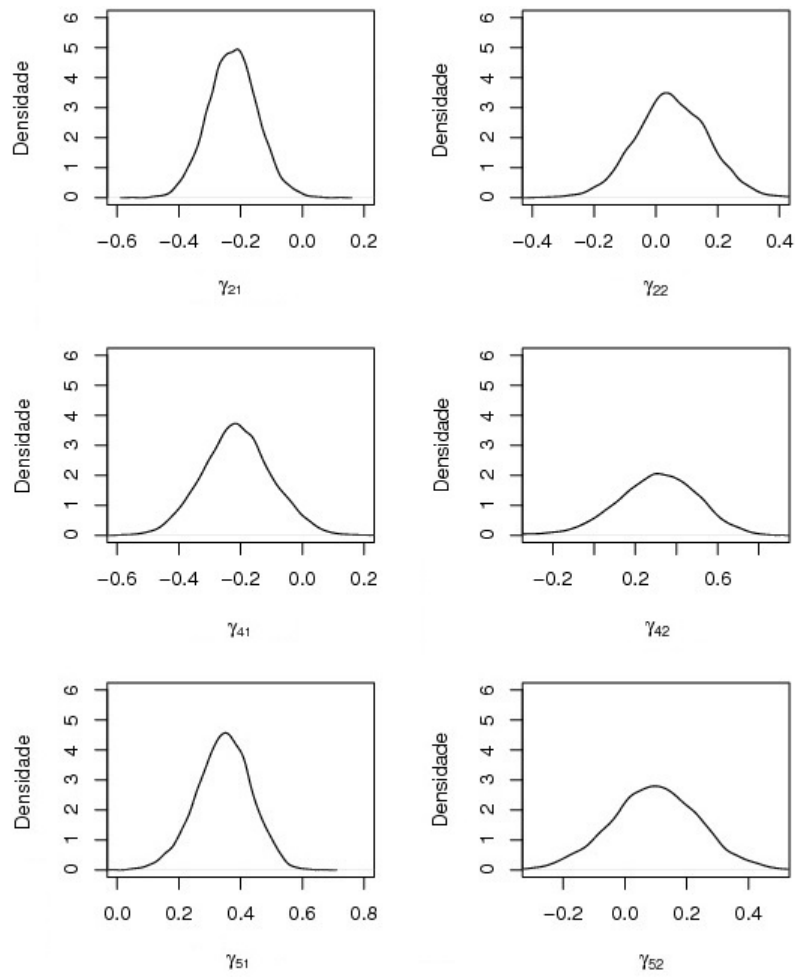


Figura 23 Densidades a posteriori estimadas para os parâmetros: γ_{21} , γ_{22} , γ_{41} , α_{42} , α_{51} e α_{52} .

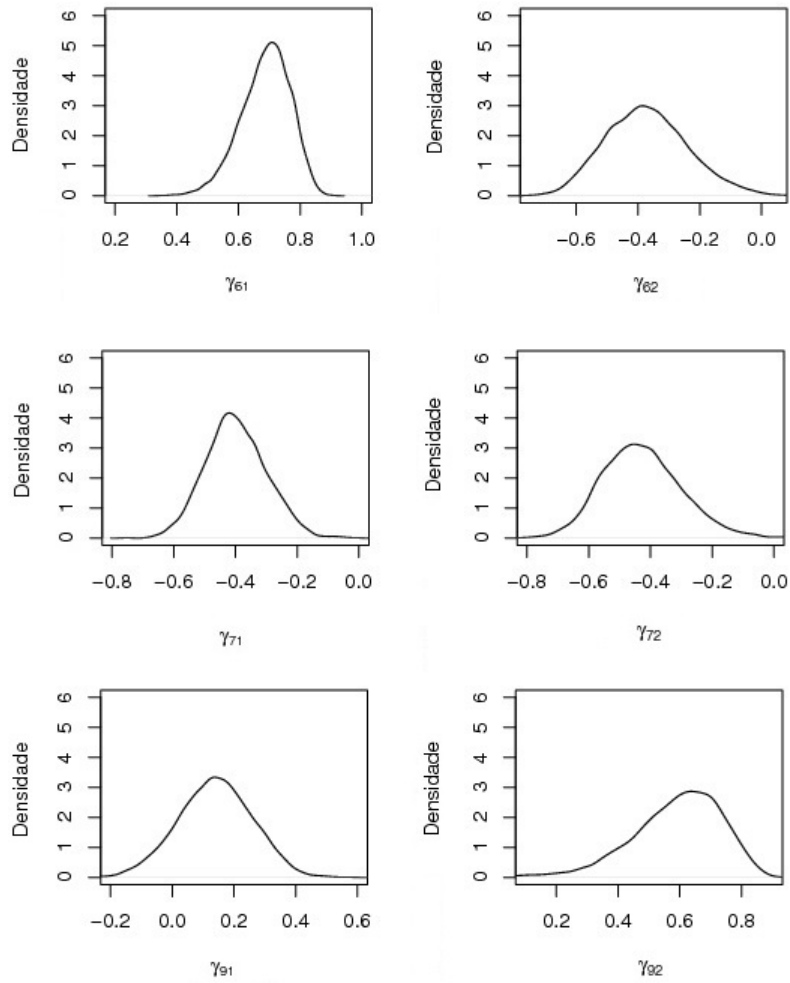


Figura 24 Densidades a posteriori estimadas para os parâmetros: γ_{61} , γ_{62} , γ_{71} , α_{72} , α_{91} e α_{92} .

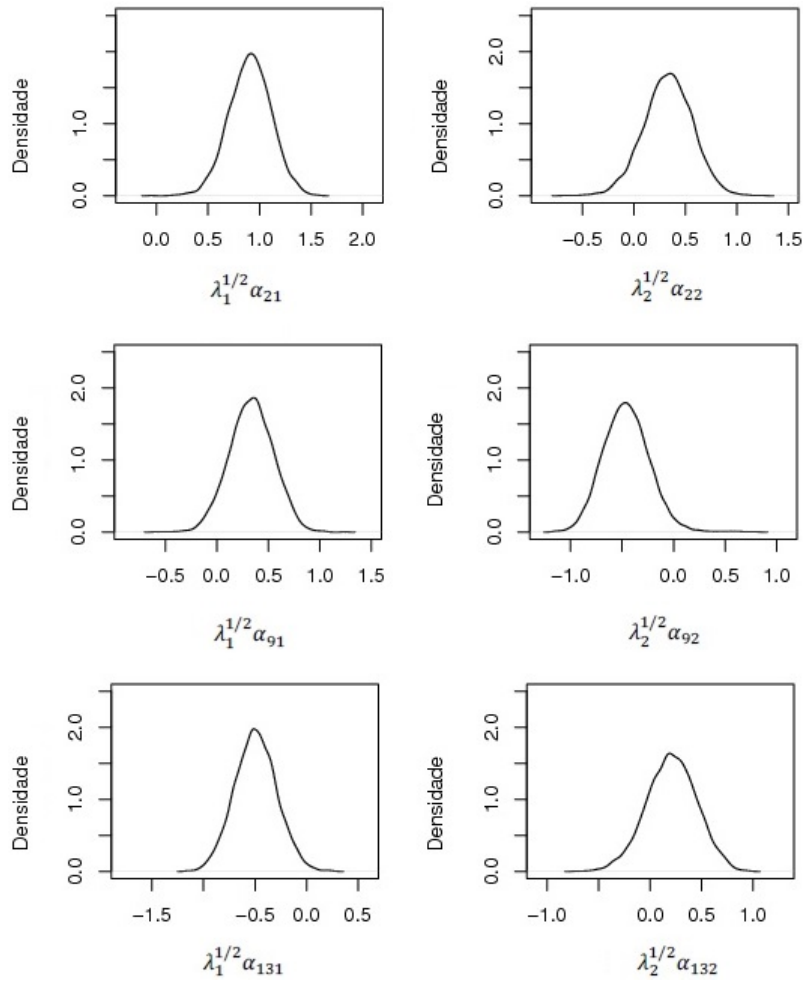


Figura 25 Densidades a posteriori estimadas para os escores genotípicos: $\lambda_1^{1/2} \alpha_{21}$, $\lambda_2^{1/2} \alpha_{22}$, $\lambda_1^{1/2} \alpha_{91}$, $\lambda_2^{1/2} \alpha_{92}$, $\lambda_1^{1/2} \alpha_{131}$ e $\lambda_2^{1/2} \alpha_{132}$.

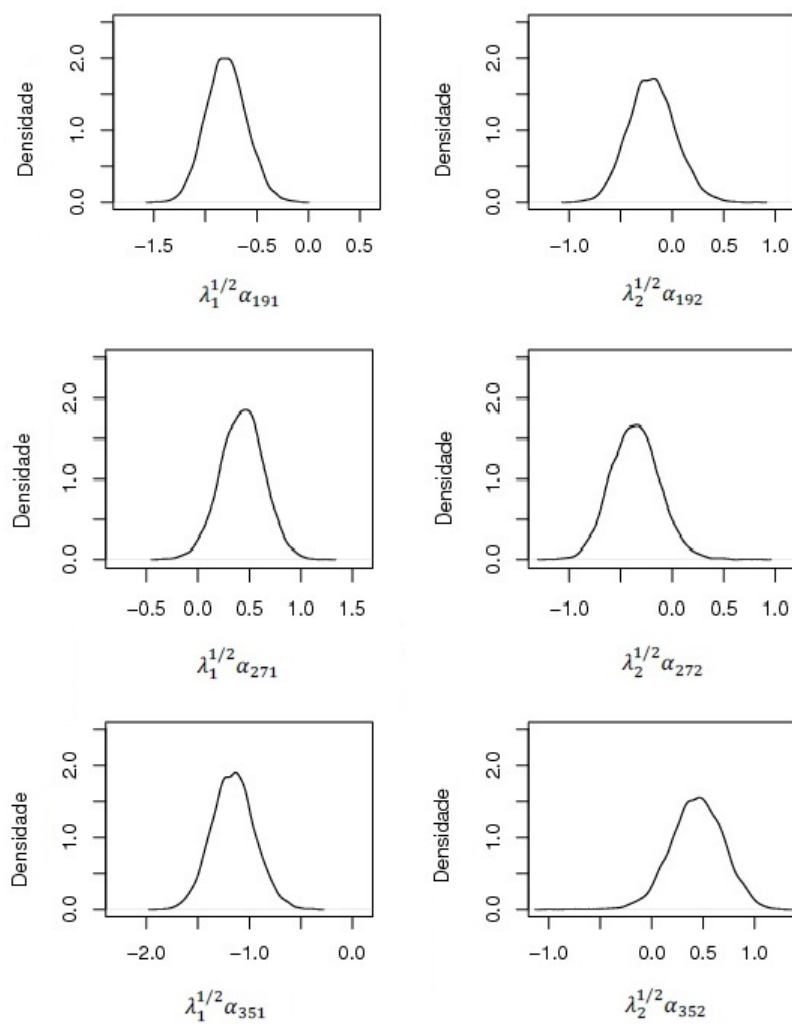


Figura 26 Densidades a posteriori estimadas para os escores genotípicos: $\lambda_1^{1/2} \alpha_{191}$, $\lambda_2^{1/2} \alpha_{192}$, $\lambda_1^{1/2} \alpha_{271}$, $\lambda_2^{1/2} \alpha_{272}$, $\lambda_1^{1/2} \alpha_{351}$ e $\lambda_2^{1/2} \alpha_{352}$.

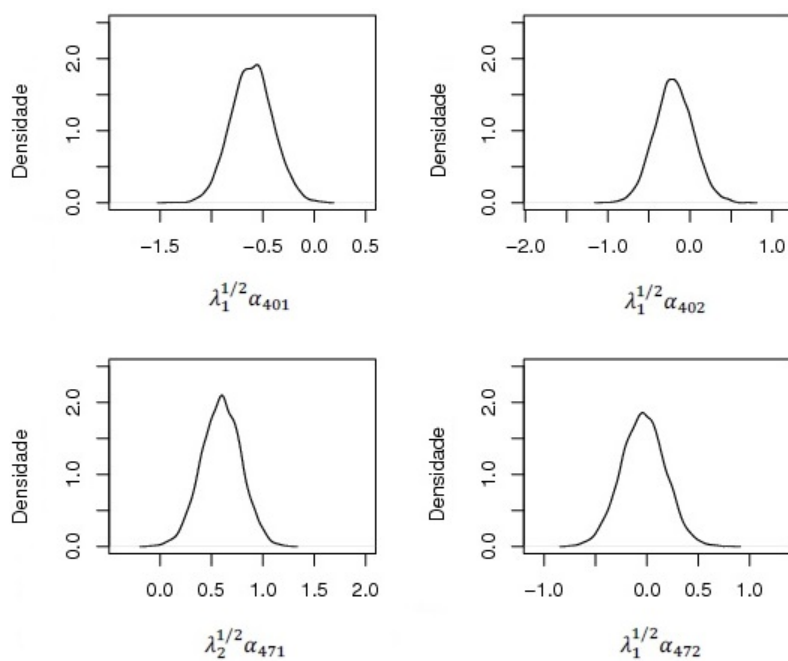


Figura 27 Densidades a posteriori estimadas para os escores genotípicos: $\lambda_1^{1/2} \alpha_{401}$, $\lambda_2^{1/2} \alpha_{402}$, $\lambda_1^{1/2} \alpha_{471}$ e $\lambda_2^{1/2} \alpha_{472}$.

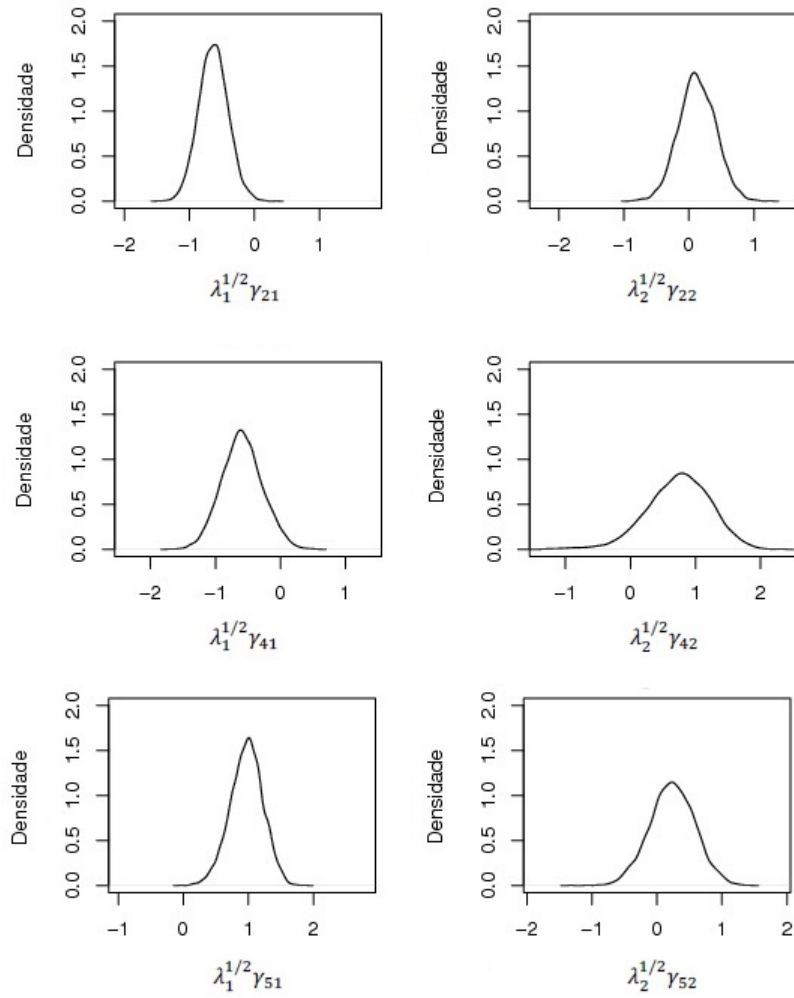


Figura 28 Densidades a posteriori estimadas para os escores ambientais: $\lambda_1^{1/2} \gamma_{21}$, $\lambda_2^{1/2} \gamma_{22}$, $\lambda_1^{1/2} \gamma_{41}$, $\lambda_2^{1/2} \gamma_{42}$, $\lambda_1^{1/2} \gamma_{51}$ e $\lambda_2^{1/2} \gamma_{52}$.

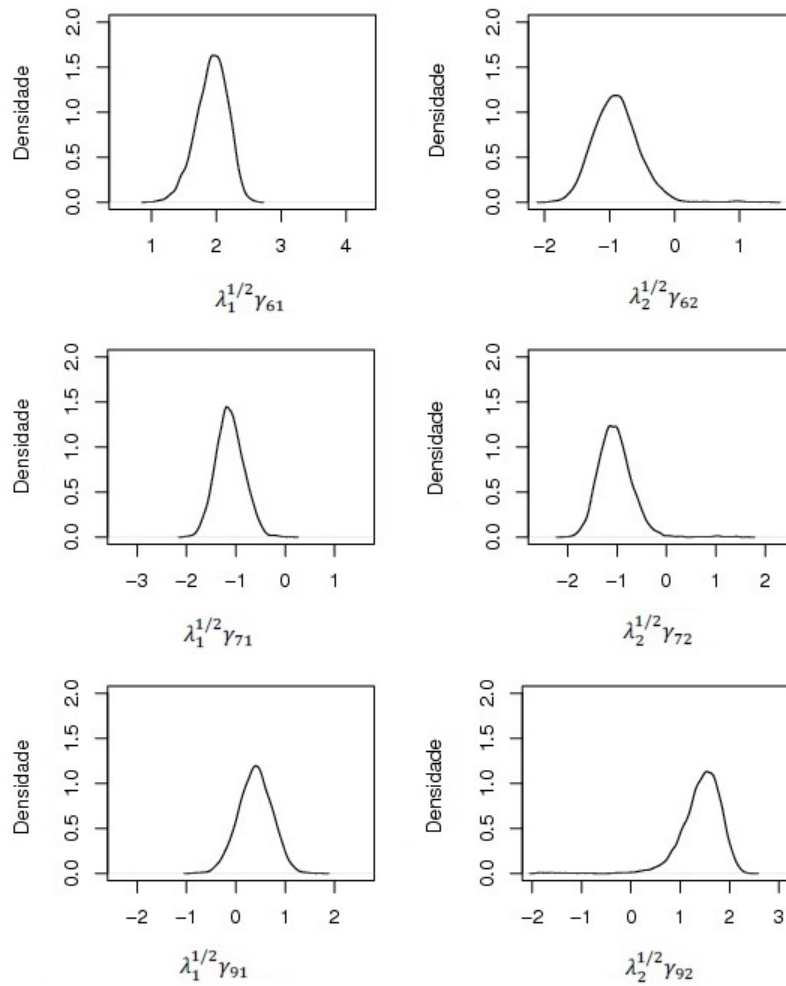


Figura 29 Densidades a posteriori estimadas para os escores ambientais: $\lambda_1^{1/2} \gamma_{61}$, $\lambda_2^{1/2} \gamma_{62}$, $\lambda_1^{1/2} \gamma_{71}$, $\lambda_2^{1/2} \gamma_{72}$, $\lambda_1^{1/2} \gamma_{91}$ e $\lambda_2^{1/2} \gamma_{92}$.

APÊNDICE

A seguir são apresentadas as tabelas com os resumos das inferências, a posteriori, para os efeitos principais de genótipos, para as componentes de variância, para as coordenadas dos dois primeiros vetores singulares genotípicos e ambientais e para os escores (genotípicos e ambientais) relacionados aos dois primeiros eixos principais. Para as coordenadas dos vetores singulares são apresentadas as médias e as médias corrigidas, como proposto por Liu (2001). Além do resumo descritivo a posteriori são apresentadas ainda as tabelas com as soluções por DVS para as coordenadas dos vetores genotípicos e ambientais.

Tabela 3 Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para os efeitos de genótipos com valores maiores que zero, e componentes da variância.

Parâmetro	Média	SD	Regiões HPD a 95%	
			LI	LS
G1	0.702	0.2172	0.2673	1.119
G2	0.7235	0.216	0.2946	1.1313
G4	0.7844	0.2166	0.3771	1.2277
G6	1.3316	0.2143	0.8952	1.7402
G7	0.645	0.2129	0.2146	1.0479
G11	0.6844	0.2166	0.2407	1.0891
G15	0.5306	0.2162	0.0967	0.957
G21	0.5145	0.21	0.1087	0.9244
G23	0.4439	0.2113	0.0452	0.8591
G24	0.6626	0.2114	0.2441	1.0697
G27	0.432	0.2126	0.0239	0.8549
G39	0.5365	0.2172	0.1293	0.9744
G46	0.8804	0.2155	0.4659	1.3039
G49	0.5681	0.2119	0.142	0.9623
σ_g^2	0.3754	0.0836	0.2253	0.5421
σ_e^2	1.2002	0.0536	1.0985	1.3065

Tabela 4 Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para os efeitos principais de genótipos com valores menores que zero.

Parâmetro	Média	SD	Regiões HPD a 95%	
			LI	LS
G5	-0.7619	0.2124	-1.176	-0.3472
G13	-1.1692	0.2167	-1.5952	-0.7448
G19	-1.4685	0.2141	-1.9053	-1.0608
G29	-1.2987	0.2146	-1.7095	-0.8697
G33	-0.4413	0.2113	-0.8682	-0.0472
G35	-0.4084	0.2144	-0.8467	-0.0158
G37	-0.9095	0.2125	-1.3346	-0.5101
G38	-0.522	0.2118	-0.9314	-0.1033
G40	-1.1843	0.2142	-1.5968	-0.7603
G43	-0.5028	0.2122	-0.9205	-0.0943
G50	-0.5300	0.2098	-0.9601	-0.1311

Tabela 5 Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para os efeitos principais de genótipos que incluem o valor zero em seus intervalos.

Parâmetro	Média	SD	Regiões HPD a 95%	
			LI	LS
G3	-0.1694	0.217	-0.6099	0.2404
G8	0.1306	0.2121	-0.2907	0.541
G9	0.0982	0.214	-0.3264	0.5149
G10	0.3262	0.2145	-0.1019	0.7312
G12	0.1993	0.214	-0.2301	0.6061
G14	0.0446	0.2145	-0.3866	0.4547
G16	-0.3410	0.2141	-0.75	0.081
G17	0.3378	0.2137	-0.0667	0.7672
G18	0.0678	0.2134	-0.3618	0.4734
G20	0.0394	0.2153	-0.3804	0.455
G22	-0.2111	0.2117	-0.6247	0.1996
G25	-0.0277	0.2133	-0.4445	0.3915
G26	-0.0185	0.2127	-0.4281	0.4008
G28	-0.2493	0.2118	-0.6717	0.1584
G30	0.1421	0.2137	-0.2731	0.5611
G31	0.0542	0,2111	-0.3624	0.4658
G32	0.1318	0.2133	-0.2881	0.5551
G34	0.0644	0.2128	-0.359	0.4721
G36	0.1095	0.2132	-0.2962	0.5413
G41	0.1148	0.2157	-0.3171	0.5274
G42	0.0001	0.2137	-0.4197	0.4184
G44	-0.2998	0.2117	-0.6978	0.1306
G45	-0.1142	0.213	-0.5294	0.2938
G47	0.014	0.2119	-0.4095	0.4228
G48	0.0186	0.2123	-0.4146	0.4257
G51	0.1218	0.2111	-0.3008	0.5274
G52	0.1003	0.2115	-0.312	0.5178
G54	-0.0031	0.2133	-0.4328	0.401
G55	-0.3326	0.2135	-0.7355	0.0901

Tabela 6 Médias a posteriori, Médias corrigidas (LIU, 2001), desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para as coordenadas do primeiro vetor singular genotípico.

Parâmetro	Média	Média corrigida (LIU, 2001)	SD	Regiões HPD a 95%	
				LI	LS
α_{11}	-0.0997	-0.1173	0.0741	-0.2422	0.0458
α_{21}	0.3230	0.3812	0.0699	0.1829	0.4556
α_{31}	-0.1116	-0.1313	0.0716	-0.2560	0.0245
α_{41}	-0.0440	-0.0515	0.0789	-0.2050	0.1053
α_{51}	0.0392	0.0467	0.0744	-0.1064	0.1863
α_{61}	0.1129	0.1335	0.0752	-0.0249	0.2671
α_{71}	-0.0150	-0.0173	0.0733	-0.1556	0.1287
α_{81}	0.0254	0.0301	0.0767	-0.1235	0.1778
α_{91}	0.1194	0.1410	0.0757	-0.0269	0.2656
α_{101}	0.0338	0.0398	0.0726	-0.1005	0.1827
α_{111}	-0.0848	-0.1004	0.0720	-0.2254	0.0574
α_{121}	0.0149	0.0177	0.0703	-0.1253	0.1509
α_{131}	-0.1756	-0.2072	0.0719	-0.3142	-0.0327
α_{141}	-0.0104	-0.0122	0.0692	-0.1493	0.1218
α_{151}	0.0113	0.0129	0.0704	-0.1257	0.1486
α_{161}	-0.0743	-0.0879	0.0695	-0.2164	0.0587
α_{171}	0.0195	0.0230	0.0724	-0.1179	0.1662
α_{181}	-0.0001	0.0002	0.0706	-0.1412	0.1367
α_{191}	-0.2837	-0.3347	0.0678	-0.4108	-0.1465
α_{201}	-0.0661	-0.0784	0.0718	-0.2040	0.0757
α_{211}	-0.0601	-0.0711	0.0764	-0.2097	0.0838
α_{221}	0.0218	0.0252	0.0752	-0.1278	0.1673
α_{231}	0.0760	0.0902	0.0718	-0.0629	0.2151
α_{241}	0.0513	0.0610	0.0723	-0.0935	0.1883
α_{251}	0.1618	0.1910	0.0702	0.0198	0.2976
α_{261}	0.1003	0.1183	0.0678	-0.0303	0.2344
α_{271}	0.1532	0.1811	0.0744	0.0065	0.2969
α_{281}	-0.0932	-0.1103	0.0704	-0.2323	0.0438
α_{291}	-0.0753	-0.0889	0.0696	-0.2124	0.0618
α_{301}	0.0245	0.0285	0.0718	-0.1130	0.1691
α_{311}	-0.0191	-0.0226	0.0734	-0.1605	0.1273
α_{321}	-0.0164	-0.0198	0.0767	-0.1730	0.1273
α_{331}	-0.0749	-0.0884	0.0707	-0.2193	0.0587

α_{341}	-0.0766	-0.0904	0.0701	-0.2099	0.0626
α_{351}	-0.4113	-0.4858	0.0695	-0.5456	-0.2741
α_{361}	-0.0151	-0.0180	0.0718	-0.1592	0.1217
α_{371}	-0.0252	-0.0296	0.0700	-0.1630	0.1117
α_{381}	-0.0154	-0.0179	0.0684	-0.1460	0.1216
α_{391}	0.1203	0.1423	0.0702	-0.0181	0.2573
α_{401}	-0.2154	-0.2544	0.0713	-0.3532	-0.0745
α_{411}	0.0267	0.0314	0.0710	-0.1105	0.1664
α_{421}	0.0640	0.0756	0.0708	-0.0803	0.1951
α_{431}	-0.0175	-0.0206	0.0718	-0.1595	0.1216
α_{441}	-0.0201	-0.0239	0.0706	-0.1601	0.1151
α_{451}	-0.0669	-0.0792	0.0702	-0.2021	0.0732
α_{461}	0.1294	0.1527	0.0693	-0.0051	0.2631
α_{471}	0.2117	0.2498	0.0675	0.0747	0.3384
α_{481}	-0.0233	-0.0275	0.0704	-0.1577	0.1182
α_{491}	0.0706	0.0835	0.0688	-0.0658	0.2032
α_{501}	0.0830	0.0976	0.0717	-0.0602	0.2203
α_{511}	0.0390	0.0458	0.0702	-0.1076	0.1690
α_{521}	-0.0235	-0.0279	0.0743	-0.1638	0.1238
α_{531}	0.0336	0.0398	0.0706	-0.1143	0.1649
α_{541}	0.0872	0.1028	0.0710	-0.0525	0.2244
α_{551}	0.0612	0.0719	0.0715	-0.0783	0.2007

Tabela 7 Médias a posteriori, Médias corrigidas (LIU, 2001), desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para as coordenadas do segundo vetor singular genotípico.

Parâmetro	Media	Média corrigida (LIU, 2001)	SD	Regiões HPD a 95%	
				LI	LS
α_{12}	0.1664	0.2259	0.0896	-0.0146	0.3342
α_{22}	0.1354	0.1832	0.0962	-0.0646	0.3125
α_{32}	-0.0396	-0.0531	0.0994	-0.2254	0.1605
α_{42}	-0.1665	-0.2250	0.1035	-0.3660	0.0368
α_{52}	0.0930	0.1265	0.0953	-0.0943	0.2765
α_{62}	0.1509	0.2046	0.0950	-0.0350	0.3318
α_{72}	0.0558	0.0761	0.0939	-0.1282	0.2345
α_{82}	0.2071	0.2808	0.0920	0.0230	0.3784
α_{92}	-0.1870	-0.2532	0.0914	-0.3667	-0.0219
α_{102}	-0.1419	-0.1924	0.0886	-0.3179	0.0259
α_{112}	0.0466	0.0628	0.0908	-0.1364	0.2219
α_{122}	-0.0596	-0.0806	0.0877	-0.2333	0.1068
α_{132}	0.0855	0.1161	0.0994	-0.1087	0.2815
α_{142}	-0.0432	-0.0584	0.0855	-0.2067	0.1286
α_{152}	0.0519	0.0698	0.0868	-0.1085	0.2298
α_{162}	0.0642	0.0867	0.0860	-0.1119	0.2241
α_{172}	0.1277	0.1729	0.0892	-0.0452	0.3016
α_{182}	0.0968	0.1314	0.0855	-0.0722	0.2643
α_{192}	-0.0799	-0.1080	0.0932	-0.2621	0.0979
α_{202}	-0.0773	-0.1052	0.0933	-0.2640	0.1054
α_{212}	-0.2433	-0.3297	0.0908	-0.4072	-0.0729
α_{222}	0.0177	0.0231	0.1045	-0.1900	0.2168
α_{232}	0.0673	0.0918	0.0907	-0.1073	0.2460
α_{242}	-0.1058	-0.1428	0.0918	-0.2777	0.0801
α_{252}	0.0627	0.0850	0.0901	-0.1172	0.2355
α_{262}	0.0029	0.0037	0.0862	-0.1675	0.1681
α_{272}	-0.1459	-0.1972	0.0953	-0.3338	0.0358
α_{282}	-0.0746	-0.1015	0.0870	-0.2467	0.0957
α_{292}	-0.0010	-0.0013	0.0848	-0.1698	0.1640
α_{302}	-0.0631	-0.0860	0.0936	-0.2548	0.1109
α_{312}	-0.1180	-0.1599	0.0930	-0.2940	0.0634
α_{322}	0.1646	0.2223	0.0957	-0.0117	0.3549
α_{332}	0.0325	0.0442	0.0888	-0.1416	0.2062

α_{342}	-0.0820	-0.1110	0.0862	-0.2511	0.0834
α_{352}	0.1805	0.2443	0.1034	-0.0095	0.3889
α_{362}	-0.0219	-0.0299	0.0938	-0.2089	0.1650
α_{372}	-0.0368	-0.0495	0.0861	-0.2163	0.1218
α_{382}	-0.0105	-0.0138	0.0858	-0.1703	0.1640
α_{392}	0.0298	0.0408	0.0902	-0.1439	0.2140
α_{402}	-0.0796	-0.1079	0.0949	-0.2756	0.0974
α_{412}	-0.0155	-0.0211	0.0934	-0.1913	0.1727
α_{422}	-0.1006	-0.1362	0.0857	-0.2669	0.0697
α_{432}	0.1311	0.1776	0.0851	-0.0393	0.2879
α_{442}	-0.0417	-0.0568	0.0883	-0.2164	0.1291
α_{452}	-0.0832	-0.1130	0.0873	-0.2497	0.0959
α_{462}	0.0107	0.0145	0.0866	-0.1541	0.1814
α_{472}	-0.0138	-0.0189	0.0878	-0.1847	0.1593
α_{482}	0.0955	0.1295	0.0865	-0.0654	0.2704
α_{492}	0.0241	0.0328	0.0876	-0.1509	0.1898
α_{502}	-0.0830	-0.1130	0.0892	-0.2588	0.0899
α_{512}	-0.0056	-0.0078	0.0879	-0.1702	0.1725
α_{522}	-0.1044	-0.1416	0.0896	-0.2791	0.0745
α_{532}	0.0348	0.0474	0.0852	-0.1356	0.1958
α_{542}	-0.0161	-0.0220	0.0890	-0.1819	0.1625
α_{552}	0.1060	0.1431	0.0917	-0.0678	0.2878

Tabela 8 Médias a posteriori, Médias corrigidas (LIU, 2001), desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para as coordenadas do primeiro vetor singular ambiental.

Parâmetro	Media	Média corrigida (LIU, 2001)	sd	Regiões HPD a 95%	
				LI	LS
γ_{11}	-0.2195	-0.2285	0.0868	-0.3923	-0.0528
γ_{21}	-0.2249	-0.2346	0.0797	-0.3887	-0.0757
γ_{31}	-0.0540	-0.0557	0.0797	-0.2108	0.1018
γ_{41}	-0.2104	-0.2211	0.1112	-0.4279	0.0089
γ_{51}	0.3453	0.3598	0.0883	0.1681	0.5161
γ_{61}	0.6877	0.7163	0.0793	0.5324	0.8337
γ_{71}	-0.3984	-0.4151	0.0985	-0.5851	-0.2029
γ_{81}	-0.0650	-0.0671	0.0935	-0.2548	0.1120
γ_{91}	0.1393	0.1460	0.1203	-0.0951	0.3704

Tabela 9 Médias a posteriori, Médias corrigidas (LIU, 2001), desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para as coordenadas do segundo vetor singular ambiental.

Parâmetro	Média	Média corrigida (LIU, 2001)	sd	Regiões HPD a 95%	
				LI	LS
γ_{12}	-0.1826	-0.2023	0.1259	-0.4273	0.0635
γ_{22}	0.0519	0.0574	0.1168	-0.1673	0.2900
γ_{32}	0.0561	0.0631	0.1110	-0.1573	0.2776
γ_{42}	0.3031	0.3343	0.2007	-0.0797	0.6925
γ_{52}	0.0966	0.1072	0.1418	-0.1878	0.3730
γ_{62}	-0.3674	-0.4088	0.1416	-0.6233	-0.0992
γ_{72}	-0.4234	-0.4701	0.1397	-0.6675	-0.1582
γ_{82}	-0.1189	-0.1312	0.1427	-0.3924	0.1588
γ_{92}	0.5846	0.6505	0.1656	0.2927	0.8459

Tabela 10 Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para os escores genotípicos relacionados ao primeiro eixo principal.

Parâmetro	Média	sd	Regiões HPD a 95%	
			LI	LS
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{11}$	-0.2802	0.2083	-0.6697	0.1391
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{21}$	0.9079	0.2031	0.4910	12.906
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{31}$	-0.3136	0.2018	-0.7094	0.0780
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{41}$	-0.1235	0.2211	-0.5476	0.3245
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{51}$	0.1103	0.2085	-0.3145	0.5071
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{61}$	0.3176	0.2117	-0.0710	0.7471
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{71}$	-0.0420	0.2053	-0.4537	0.3447
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{81}$	0.0713	0.2151	-0.3491	0.4919
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{91}$	0.3353	0.2129	-0.0951	0.7283
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{101}$	0.0948	0.2034	-0.2907	0.5072
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{111}$	-0.2386	0.2026	-0.6310	0.1626
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{121}$	0.0418	0.1971	-0.3450	0.4309
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{131}$	-0.4937	0.2036	-0.8934	-0.0951
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{141}$	-0.0293	0.1942	-0.4324	0.3285
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{151}$	0.0319	0.1971	-0.3474	0.4192
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{161}$	-0.2086	0.1947	-0.5977	0.1738
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{171}$	0.0547	0.2027	-0.3562	0.4405
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{181}$	-0.0003	0.1978	-0.4020	0.3786
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{191}$	-0.7971	0.1949	-11.673	-0.4122
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{201}$	-0.1858	0.2011	-0.5674	0.2114
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{211}$	-0.1690	0.2142	-0.5876	0.2358
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{221}$	0.0613	0.2103	-0.3553	0.4713
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{231}$	0.2137	0.2017	-0.1794	0.6034
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{241}$	0.1442	0.2027	-0.2609	0.5289
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{251}$	0.4545	0.1980	0.0539	0.8354
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{261}$	0.2820	0.1905	-0.0805	0.6669
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{271}$	0.4303	0.2099	-0.0018	0.8196
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{281}$	-0.2618	0.1979	-0.6487	0.1284
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{291}$	-0.2115	0.1949	-0.5997	0.1666

$\lambda_1^{1/2} \alpha_{301}$	0.0688	0.2013	-0.3269	0.4663
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{311}$	-0.0538	0.2054	-0.4821	0.3229
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{321}$	-0.0460	0.2148	-0.4574	0.3793
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{331}$	-0.2105	0.1985	-0.5938	0.1853
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{341}$	-0.2154	0.1967	-0.5824	0.1868
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{351}$	-11.561	0.2070	-15.602	-0.7486
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{361}$	-0.0426	0.2011	-0.4268	0.3605
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{371}$	-0.0708	0.1958	-0.4419	0.3267
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{381}$	-0.0432	0.1914	-0.4234	0.3288
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{391}$	0.3380	0.1973	-0.0688	0.7013
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{401}$	-0.6054	0.2027	-0.9876	-0.1997
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{411}$	0.0749	0.1988	-0.3167	0.4537
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{421}$	0.1799	0.1986	-0.2179	0.5573
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{431}$	-0.0491	0.2011	-0.4408	0.3447
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{441}$	-0.0564	0.1977	-0.4297	0.3370
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{451}$	-0.1881	0.1967	-0.5673	0.2012
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{461}$	0.3636	0.1953	-0.0378	0.7195
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{471}$	0.5949	0.1923	0.2063	0.9590
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{481}$	-0.0656	0.1972	-0.4412	0.3322
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{491}$	0.1984	0.1931	-0.1746	0.5779
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{501}$	0.2333	0.2017	-0.1545	0.6330
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{511}$	0.1093	0.1969	-0.3033	0.4725
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{521}$	-0.0660	0.2084	-0.4698	0.3334
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{531}$	0.0943	0.1978	-0.3041	0.4751
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{541}$	0.2452	0.1995	-0.1450	0.6319
$\lambda_1^{1/2} \alpha_{551}$	0.1720	0.2006	-0.2203	0.5633

Tabela 11 Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para os escores genotípicos relacionados ao segundo eixo principal.

Parâmetro	Média	SD	Regiões HPD a 95%	
			LI	LS
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{12}$	0.4073	0.2211	-0.0195	0.8366
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{22}$	0.3311	0.2362	-0.1561	0.7721
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{32}$	-0.0970	0.2417	-0.5604	0.3737
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{42}$	-0.4074	0.2545	-0.8806	0.1030
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{52}$	0.2278	0.2327	-0.2203	0.6821
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{62}$	0.3693	0.2335	-0.0853	0.8169
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{72}$	0.1365	0.2283	-0.3135	0.5641
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{82}$	0.5066	0.2283	0.0662	0.9464
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{92}$	-0.4577	0.2262	-0.8994	-0.0423
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{102}$	-0.3475	0.2180	-0.7796	0.0626
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{112}$	0.1143	0.2207	-0.3228	0.5450
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{122}$	-0.1460	0.2132	-0.5815	0.2505
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{132}$	0.2094	0.2423	-0.2726	0.6839
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{142}$	-0.1060	0.2081	-0.5150	0.2986
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{152}$	0.1272	0.2109	-0.2619	0.5559
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{162}$	0.1572	0.2093	-0.2383	0.5743
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{172}$	0.3121	0.2184	-0.1054	0.7479
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{182}$	0.2372	0.2095	-0.1872	0.6412
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{192}$	-0.1954	0.2279	-0.6468	0.2376
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{202}$	-0.1892	0.2271	-0.6466	0.2472
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{212}$	-0.5953	0.2269	-1.0186	-0.1785
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{222}$	0.0433	0.2534	-0.4531	0.5337
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{232}$	0.1648	0.2212	-0.2372	0.6306
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{242}$	-0.2587	0.2244	-0.6814	0.1940
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{252}$	0.1536	0.2190	-0.2905	0.5710
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{262}$	0.0071	0.2093	-0.3989	0.4169
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{272}$	-0.3571	0.2343	-0.8224	0.0859
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{282}$	-0.1825	0.2122	-0.5771	0.2566
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{292}$	-0.0026	0.2062	-0.3980	0.4147

$\lambda_2^{1/2} \alpha_{302}$	-0.1544	0.2280	-0.5968	0.2872
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{312}$	-0.2890	0.2275	-0.7266	0.1525
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{322}$	0.4029	0.2361	-0.0313	0.8779
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{332}$	0.0794	0.2155	-0.3342	0.5110
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{342}$	-0.2006	0.2101	-0.5933	0.2201
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{352}$	0.4416	0.2555	-0.0269	0.9515
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{362}$	-0.0538	0.2277	-0.5010	0.3966
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{372}$	-0.0900	0.2092	-0.5172	0.2995
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{382}$	-0.0257	0.2084	-0.4251	0.3792
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{392}$	0.0731	0.2194	-0.3448	0.5227
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{402}$	-0.1948	0.2313	-0.6493	0.2558
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{412}$	-0.0379	0.2268	-0.4617	0.4232
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{422}$	-0.2459	0.2093	-0.6614	0.1618
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{432}$	0.3209	0.2094	-0.0938	0.7142
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{442}$	-0.1017	0.2148	-0.5204	0.3219
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{452}$	-0.2036	0.2127	-0.6188	0.2187
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{462}$	0.0263	0.2100	-0.3765	0.4338
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{472}$	-0.0340	0.2136	-0.4604	0.3766
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{482}$	0.2338	0.2111	-0.1709	0.6481
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{492}$	0.0588	0.2127	-0.3581	0.4687
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{502}$	-0.2030	0.2173	-0.6276	0.2203
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{512}$	-0.0139	0.2134	-0.4283	0.4015
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{522}$	-0.2558	0.2193	-0.6870	0.1710
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{532}$	0.0851	0.2072	-0.3176	0.4885
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{542}$	-0.0400	0.2159	-0.4319	0.4018
$\lambda_2^{1/2} \alpha_{552}$	0.2595	0.2245	-0.1703	0.6959

Tabela 12 Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para os escores ambientais relacionados ao primeiro eixo principal.

Parâmetro	Média	SD L	Regiões HPD a 95%	
			LI	LS
$\lambda_1^{1/2} \gamma_{11}$	-0.6167	0.2446	-1.1042	-0.1539
$\lambda_1^{1/2} \gamma_{21}$	-0.6318	0.2250	-1.0886	-0.2077
$\lambda_1^{1/2} \gamma_{31}$	-0.1516	0.2234	-0.5907	0.2854
$\lambda_1^{1/2} \gamma_{41}$	-0.5910	0.3122	-1.1968	0.0247
$\lambda_1^{1/2} \gamma_{51}$	0.9697	0.2510	0.4728	1.4666
$\lambda_1^{1/2} \gamma_{61}$	1.9317	0.2417	1.4468	2.3758
$\lambda_1^{1/2} \gamma_{71}$	-1.1190	0.2807	-1.6389	-0.5490
$\lambda_1^{1/2} \gamma_{81}$	-0.1827	0.2617	-0.6796	0.3453
$\lambda_1^{1/2} \gamma_{91}$	0.3913	0.3371	-0.2595	1.0446

Tabela 13 Médias a posteriori, desvio padrão (DP) e regiões de credibilidade (I.C. 95%, LI: limite inferior, LS: limite superior) para os escores ambientais relacionados ao segundo eixo principal.

Parâmetro	Média	SD	Regiões HPD a 95%	
			LI	LS
$\lambda_2^{1/2} \gamma_{12}$	-0.4457	0.3062	-1.0547	0.1354
$\lambda_2^{1/2} \gamma_{22}$	0.1265	0.2826	-0.4134	0.6914
$\lambda_2^{1/2} \gamma_{32}$	0.1367	0.2682	-0.4274	0.6279
$\lambda_2^{1/2} \gamma_{42}$	0.7407	0.4896	-0.1965	1.6752
$\lambda_2^{1/2} \gamma_{52}$	0.2360	0.3441	-0.4367	0.9265
$\lambda_2^{1/2} \gamma_{62}$	-0.8973	0.3520	-1.5134	-0.1929
$\lambda_2^{1/2} \gamma_{72}$	-1.0344	0.3484	-1.6740	-0.4008
$\lambda_2^{1/2} \gamma_{82}$	-0.2904	0.3457	-0.9535	0.3816
$\lambda_2^{1/2} \gamma_{92}$	1.4279	0.4163	0.6896	2.1226

Tabela 14 Médias para as coordenadas do vetores singulares genotípicos obtidas por DVS.

α_1	α_2	α_3	α_4	α_5	α_6	α_7	α_8
-0.1165	-0.2261	-0.0025	0.2172	0.0693	0.0345	0.1104	-0.3281
0.3822	-0.1818	0.0672	-0.1772	0.1557	0.1039	0.0292	0.0250
-0.1318	0.0540	-0.2621	-0.0346	-0.0362	-0.0358	-0.1714	-0.0198
-0.0510	0.2248	-0.3005	-0.0835	0.0673	-0.0860	0.3106	-0.2000
0.0446	-0.1262	-0.2228	0.0837	0.0664	-0.2503	-0.1661	-0.0950
0.1341	-0.2046	-0.1230	-0.0335	-0.3958	-0.1200	0.0949	0.0280
-0.0174	-0.0757	-0.1719	-0.1492	-0.2738	-0.2599	-0.0169	-0.0203
0.0308	-0.2778	-0.1385	0.1973	-0.1166	-0.0890	-0.0967	-0.1487
0.1394	0.2546	0.0139	-0.0417	0.3063	-0.1641	0.0839	-0.2190
0.0411	0.1904	0.0460	0.1610	0.1550	-0.1104	-0.1525	0.0249
-0.0982	-0.0604	-0.0558	-0.1764	0.2006	0.2746	0.2202	-0.1168
0.0177	0.0821	-0.0898	0.1833	0.0127	-0.0149	0.2010	0.1420
-0.2091	-0.1166	-0.2432	0.0559	0.0510	0.2052	-0.0402	0.2033
-0.0135	0.0590	-0.1000	-0.0074	0.0152	-0.1866	0.0341	0.0424
0.0130	-0.0722	0.0833	-0.1546	-0.0631	-0.1041	0.2106	-0.0108
-0.0860	-0.0898	0.0906	-0.1223	0.0481	0.0543	-0.0152	-0.0498
0.0235	-0.1745	0.0490	0.2564	0.0840	0.0055	0.2306	-0.1039
0.0008	-0.1330	0.0075	-0.1674	-0.0155	0.1284	0.0958	0.1092
-0.3362	0.1088	0.0830	0.0778	-0.0204	0.1576	-0.0574	-0.0108
-0.0771	0.1042	0.1696	-0.2638	-0.1433	-0.0184	-0.0078	0.0030
-0.0717	0.3275	0.0177	-0.1451	0.0961	-0.0331	0.0629	-0.1306
0.0258	-0.0236	0.3006	-0.1535	0.1440	-0.3229	-0.0560	0.1365
0.0897	-0.0903	-0.1572	-0.1984	0.0857	0.1333	-0.0451	0.1929
0.0601	0.1466	-0.1592	-0.1414	-0.1297	0.1433	0.0008	0.0226
0.1880	-0.0861	0.0519	0.1391	0.2061	0.0895	-0.1837	-0.0618
0.1184	-0.0036	0.0704	-0.0968	-0.0413	-0.0017	-0.0067	-0.0127
0.1804	0.1987	-0.1286	0.2112	0.1197	0.3247	0.0547	0.1227
-0.1086	0.1007	0.0292	0.1337	0.0772	-0.0622	-0.1447	-0.1568
-0.0898	0.0034	0.0508	-0.0074	0.0459	0.0448	-0.2769	-0.0547
0.0287	0.0840	0.2219	0.0871	-0.0581	-0.1123	0.0819	0.0094
-0.0238	0.1577	0.1481	0.2767	-0.1819	-0.0019	-0.1344	-0.0553
-0.0174	-0.2236	0.2262	0.0590	-0.1472	-0.0033	0.1449	0.0206
-0.0896	-0.0447	-0.1376	-0.0275	0.0557	-0.0392	-0.2021	0.1432
-0.0911	0.1097	-0.0683	-0.0504	-0.0413	0.0386	-0.1811	0.0856
-0.4854	-0.2443	0.1098	-0.0239	0.2570	-0.0596	0.2436	0.0772
-0.0181	0.0296	0.1474	-0.2451	-0.0884	0.2553	-0.1529	-0.2302

-0.0302	0.0513	-0.1071	-0.1279	-0.0064	0.0845	-0.1220	-0.1259
-0.0189	0.0152	-0.0635	0.0369	-0.0951	0.0092	-0.0392	-0.1879
0.1422	-0.0411	-0.1418	0.1484	-0.0697	-0.0190	0.1855	-0.1514
-0.2547	0.1093	0.1424	0.2540	-0.1910	0.1027	-0.0565	0.2078
0.0317	0.0195	0.2048	-0.0449	0.0132	-0.1315	-0.0071	0.2386
0.0745	0.1374	-0.0645	-0.0784	-0.0097	-0.0598	0.1550	0.2350
-0.0208	-0.1791	-0.0031	-0.0528	0.0944	-0.0635	-0.1428	-0.1082
-0.0223	0.0525	0.1138	-0.0103	0.1050	-0.2409	-0.0392	0.0587
-0.0788	0.1140	-0.1169	-0.0286	-0.0833	-0.1594	-0.0318	0.0280
0.1531	-0.0123	0.0258	0.1500	-0.0800	-0.0359	0.0819	0.1290
0.2500	0.0206	0.0629	0.1111	0.0627	-0.0288	-0.1454	0.0087
-0.0283	-0.1301	-0.0901	-0.1101	0.0915	-0.0910	-0.0697	0.0949
0.0840	-0.0335	-0.0913	0.0685	0.0377	0.1261	0.0233	0.3526
0.0979	0.1117	0.1285	0.1277	0.0137	0.0699	0.1751	0.0241
0.0440	0.0080	0.1332	-0.0031	0.0490	0.1139	0.0863	0.0126
-0.0272	0.1424	0.0639	-0.0229	-0.3563	0.0612	0.1429	-0.0268
0.0408	-0.0463	-0.0970	0.0523	0.0805	0.0062	-0.0837	0.1169
0.1046	0.0226	0.0988	-0.0598	-0.1554	0.1510	-0.0240	-0.2080
0.0725	-0.1427	0.1783	-0.0484	-0.0673	0.1872	-0.1912	-0.0620

Tabela 15 Médias para as coordenadas do vetores singulares ambientais obtidas por DVS.

γ_1	γ_2	γ_3	γ_4	γ_5	γ_6	γ_7	γ_8
-0.2200	0.2020	-0.0914	-0.1482	0.0213	0.6708	0.4684	-0.3404
-0.2255	-0.0580	0.0829	-0.0775	0.1201	0.4142	-0.5451	0.5473
-0.0480	-0.0616	-0.0349	0.1549	0.0773	-0.1238	-0.5432	-0.7210
-0.2077	-0.3410	0.7726	0.0825	-0.1223	-0.1885	0.2831	-0.0063
0.3693	-0.1089	-0.0295	-0.7035	0.4405	-0.2319	0.1013	0.0037
0.7246	0.4102	0.2038	0.2162	-0.3124	0.1086	-0.0223	0.0794
-0.4074	0.4676	-0.2088	-0.2378	-0.4230	-0.4585	0.0360	0.1201
-0.0611	0.1308	-0.2229	0.5766	0.5713	-0.2270	0.2730	0.1887
0.1558	-0.6480	-0.5009	0.1025	-0.4089	0.0140	0.1473	0.0912