

ESTABILIDADE FENOTÍPICA VIA MODELO AMMI COM REAMOSTRAGEM “BOOTSTRAP”

Osmir José LAVORANTI, Estatístico, Embrapa Florestas, Caixa Postal: 319, Colombo/PR, CEP. 83411-970, e-mail: osmir@cnpf.embrapa.br.

Carlos Tadeu dos Santos DIAS, Prof. Dr. Depto de Ciências Exatas, USP/ESALQ Caixa Postal: 09, Piracicaba/SP, CEP. 13418-900.

Wojtek J. KRZANOWSKI, School of Mathematical Sciences, Laver Building, North Park Road, EXETER, EX4 4QE, UK.

RESUMO: Em função da evolução da ciência da computação, e conseqüentemente, o desenvolvimento de sistemas sofisticados de processamento de dados, com algoritmos rápidos e precisos, muitos estatísticos, matemáticos e melhoristas estão trabalhando no desenvolvimento de metodologias, com a finalidade de estudar detalhadamente a estrutura do efeito da interação genótipo com ambiente, permitindo dessa forma uma avaliação segura da estabilidade dos genótipos e de ambientes. Neste trabalho foi desenvolvido uma metodologia via reamostragem “bootstrap”, no modelo AMMI - Additive Main effects and Multiplicative Interaction model, que possibilita a análise gráfica e numérica, por variância “bootstrap”, da estabilidade fenotípica de plantas.

Palavras-chave: estabilidade, bootstrap, AMMI.

1. INTRODUÇÃO

A resposta diferenciada dos genótipos nos vários ambientes, conhecida como interação de genótipos com ambientes ($G \times E$) é um fenômeno natural que faz parte da evolução das espécies. Seus efeitos permitem o aparecimento de genótipos estáveis e aptos a um ambiente específico, assim como, de comportamento geral apto a vários ambientes.

Como o principal objetivo de um programa de melhoramento é selecionar genótipos de consistente e elevada produtividade, nos mais diversos ambientes, a baixa eficiência na análise da interação $G \times E$ pode representar um problema aos melhoristas, por reduzir a precisão de seleção de um ambiente para outro.

As posições críticas dos estatísticos, que atuam em programas de melhoramento genético, referem-se à falta de uma análise criteriosa da estrutura da interação $G \times E$ como um dos principais problemas para a recomendação de cultivares.

Recentes avanços da ciência da computação permitiram o desenvolvimento de sistemas interativos de processamento de dados, com algoritmos rápidos e precisos. Com isso, muitos pesquisadores estão desenvolvendo metodologias estatísticas, com a finalidade de estudar detalhadamente a estrutura do efeito da interação $G \times E$ e suas estimativas de estabilidade. Neste trabalho desenvolvemos uma metodologia via reamostragem “bootstrap”, no modelo AMMI - Additive Main effects and Multiplicative Interaction model, que possibilita a análise gráfica e numérica, por variância “bootstrap”, da estabilidade fenotípica de plantas (Lavoranti e Dias, 2002).

2. MATERIAL E MÉTODO

Os dados usados neste estudo foram procedentes de um teste de progênes de *Eucalyptus grandis*, envolvendo 20 progênes e sete locais. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com seis plantas por parcelas e 10 repetições, no espaçamento de 3,0 m por 2,0 m. As progênes foram avaliadas pela altura média por parcela, aos cinco anos de idade.

A metodologia proposta consistiu em executar o método AMMI seguindo a proposta de Gollob (1968), cujo ponto de parada para seleção do modelo foi o n -ésimo componente principal da interação significativo pelo teste F. Do modelo selecionado, determinou-se as estimativas dos genótipos i nos ambientes j (\hat{Y}_{ij}), obtendo-se a matriz de resíduos $[\widehat{\mathbf{GE}}_{G \times E} = (\hat{g}e_{ij})]$. A partir desta matriz, foram reamostradas 100 matrizes “bootstrap” para genótipos ($\widehat{\mathbf{GE}}_g^*$), com o sorteio com reposição executado nas linhas e 100 matrizes “bootstrap” para ambientes ($\widehat{\mathbf{GE}}_e^*$), com o sorteio com reposição executado nas colunas.

Os efeitos de genótipos e de ambientes foram obtidos através da DVS (decomposição por valores singulares)(Zobel et al., 1988) aplicada em cada uma das 200 matrizes “bootstrap” de desvios.

$$\begin{aligned}\widetilde{\mathbf{GE}}_{k\ell}^* &= \sum_{i=1}^n \tilde{\lambda}_{ik\ell}^* \tilde{\gamma}_{ik\ell}^* \tilde{\alpha}_{ik\ell}^{*'} = \widetilde{\mathbf{U}}_{k\ell}^* \widetilde{\mathbf{S}}_{k\ell}^* \widetilde{\mathbf{V}}_{k\ell}^{*'} = \widetilde{\mathbf{G}}_{k\ell}^* \widetilde{\mathbf{H}}_{k\ell}^{*'} \\ &= \sum_{i=1}^n \left(\tilde{\lambda}_{ik\ell}^{*\frac{1}{2}} \tilde{\gamma}_{ik\ell}^* \right) \left(\tilde{\lambda}_{ik\ell}^{*\frac{1}{2}} \tilde{\alpha}_{ik\ell}^{*'} \right)\end{aligned}$$

em que: $k = g, e$ para genótipo e ambiente, respectivamente e $\ell = 1, 2, \dots, 100$;

$\widetilde{\mathbf{G}}_{k\ell}^*$: efeitos “bootstrap” de genótipos da $k\ell$ -ésima matriz $\widetilde{\mathbf{GE}}_{k\ell}$;

$\widetilde{\mathbf{H}}_{k\ell}^{*'}$: efeitos “bootstrap” de ambientes da $k\ell$ -ésima matriz $\widetilde{\mathbf{GE}}_{k\ell}$

$\tilde{\lambda}_{ik\ell}^*$: raiz quadrada do i -ésimo autovalor das matrizes “bootstrap” $(\widetilde{\mathbf{GE}}_{k\ell}^*)(\widetilde{\mathbf{GE}}_{k\ell}^*)'$ e $(\widetilde{\mathbf{GE}}_{k\ell}^*)'(\widetilde{\mathbf{GE}}_{k\ell}^*)$ de iguais autovalores não nulos;

$\tilde{\gamma}_{ik\ell}^*$: i -ésimo vetor (relacionado ao genótipo i) do $k\ell$ -ésimo autovetor de $(\widetilde{\mathbf{GE}}_{k\ell}^*)(\widetilde{\mathbf{GE}}_{k\ell}^*)'$ associado a $\tilde{\lambda}_{ik\ell}^{*2}$ e

$\tilde{\alpha}_{ik\ell}^{*'}$: i -ésimo vetor (relacionado ao ambiente j) do $k\ell$ -ésimo autovetor de $(\widetilde{\mathbf{GE}}_{k\ell}^*)'(\widetilde{\mathbf{GE}}_{k\ell}^*)$ associado a $\tilde{\lambda}_{ik\ell}^{*2}$

Dessa forma, obtiveram-se para cada genótipo e ambiente, 100 escores associados a cada matriz “bootstrap”. Esses resultados foram plotados seguindo o modelo AMMI2, isto é, em eixos cartesianos IPCA1 \times IPCA2 (Gabriel, 1971). Nas interpretações gráficas, genótipos e ambientes consistentemente estáveis são aqueles cujos pontos situam-se próximos à origem, isto é, com escores praticamente nulos para os dois eixos da interação $G \times E$ (IPCA1 e IPCA2); estabilidade intermediária para dispersões baixas dos escores centradas em zero; baixa estabilidade para as altas dispersões centradas em zero e instáveis para os escores não centrados em zero.

3. RESULTADO E DISCUSSÃO

A análise da interação $G \times E$ pela ACP, mostrou os dois primeiros eixos (IPCA1 e IPCA2) significativos, com $p < 0,01$ para o primeiro eixo e $p < 0,05$ para o segundo eixo. Assim, o modelo AMMI2, contendo dois fatores multiplicativos, foi selecionado para descrever o padrão inerente à interação ($G \times E$) (Figura 1).

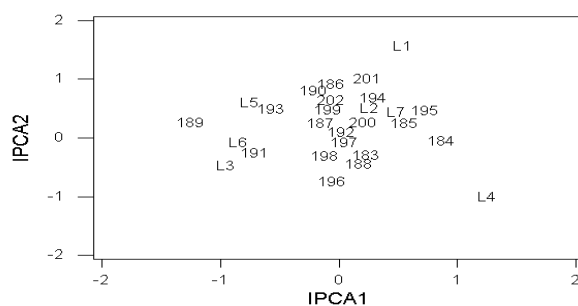


Figure 1: Biplot AMMI2, para o caráter altura (m), das progênes de *E. grandis*.

Pela metodologia “bootstrap” AMMI proposta, a análise da estabilidade de genótipos e de ambiente (Figura 2), permitiu identificar como genótipos e ambientes consistentemente estáveis: 183, 185, 186, 187, 188, 190, 192, 194, 197, 198, 199, 200, 202, L2 e L7; estabilidade intermediária para os genótipos 193, 195 e 196; baixa estabilidade para os genótipos 189, 191 e 201, assim como para os ambientes: L3, L4, L5 e L6; e instável, apenas o genótipo 184 e o ambiente L1.

4. CONCLUSÃO

A interpretação da estabilidade fenotípica através da análise gráfica dos biplots AMMI, foi melhor compreendida quando da realização de reamostragem “bootstrap” AMMI.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, v.58, n.3, p.453-467, 1971.
- GOLLOB, H.F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. **Psychometrika**, v.33, n.1, p.73-115, 1968.
- LAVORANTI, O.J.; DIAS, C.T.S. Estimação de parâmetros de estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “bootstrap” no modelo AMMI. Piracicaba-SP, nov/2002, 106p. Exame de Qualificação (Doutorado) - C.P.G em Estatística e Experimentação Agrônômica. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH, H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, V.80, p.388-393, 1988.

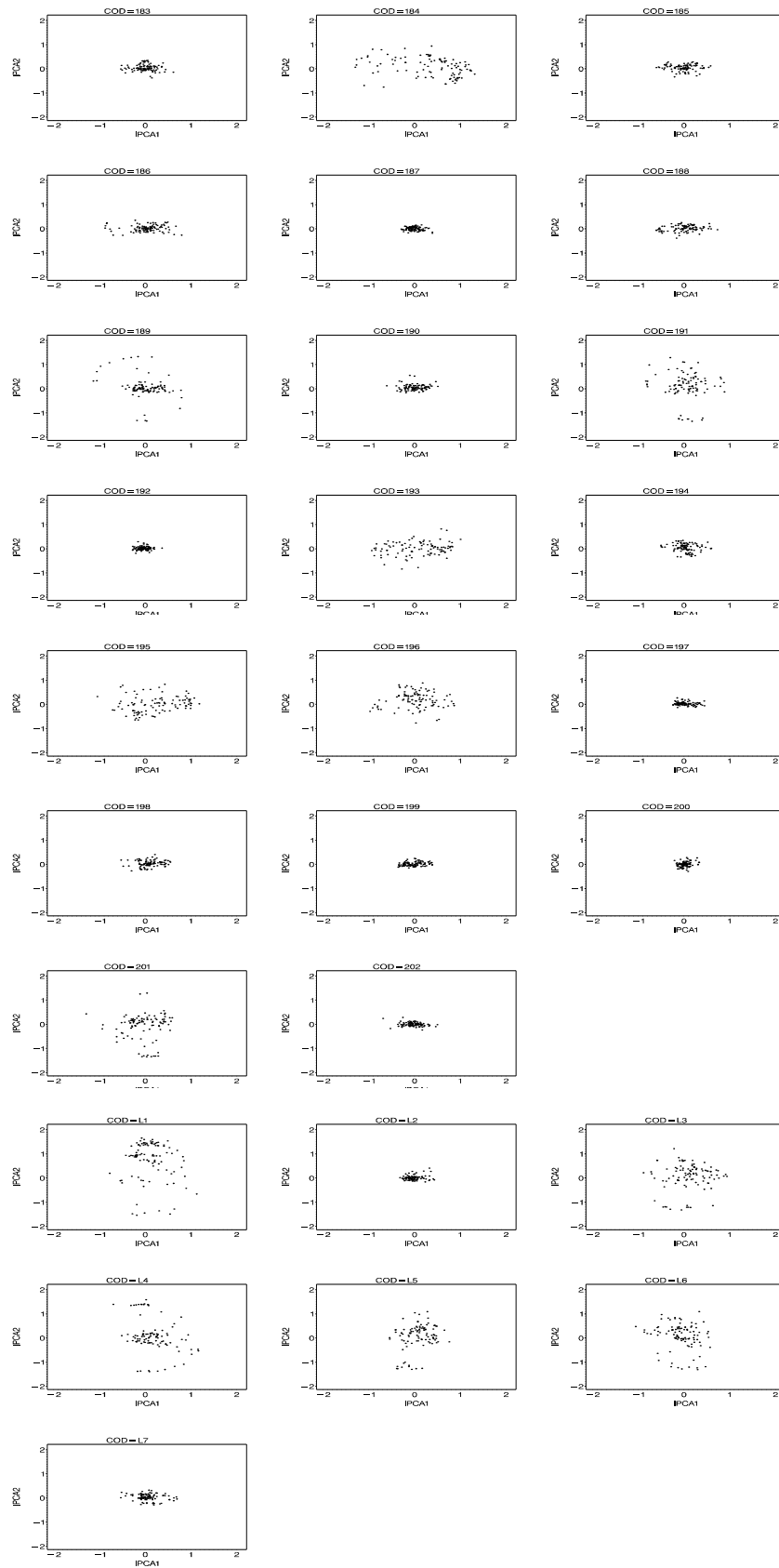


Figure 2: Escores “bootstrap” de genótipos e ambiente para o caráter altura (m), das progênies de *E. grandis*.