

\$ Estabilidade - Página Principal

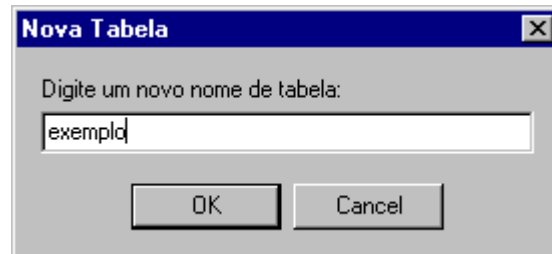
O programa estabilidade foi desenvolvido como parte das exigências do CNPq, do meu projeto de Produtividade em Pesquisa (Professor Dr. Daniel Furtado Ferreira), na área de Genética Quantitativa.

Sou professor da [Universidade Federal de Lavras](#), [Departamento de Ciências Exatas](#) desde 22 de dezembro de 1993.

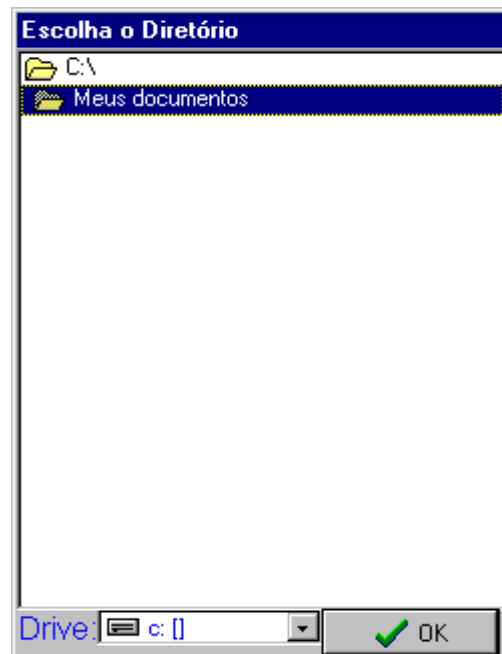
O presente [Programa](#) tem a finalidade de propiciar aos geneticistas e melhoristas de plantas e animais, uma ferramenta segura e robusta, para servir de suporte as suas pesquisas na fase final de seus programas. Uma informação consistente da estabilidade fenotípica dos genótipos é necessária. Com esse intuito, o presente Software foi desenvolvido. Espero que o usuário se sinta confortável para utilizá-lo, e que o programa corresponda plenamente às suas expectativas, no que se refere a interface e confiabilidade de seus resultados.

\$ Banco de Dados - Criar Banco de Dados

Para se criar um banco de dados o usuário escolherá a opção Files, Banco de dados. A janela correspondente do banco de dados será aberta. Escolhe a opção Criar do menu Arquivo, e em seguida é solicitado o nome da Tabela a se criada.

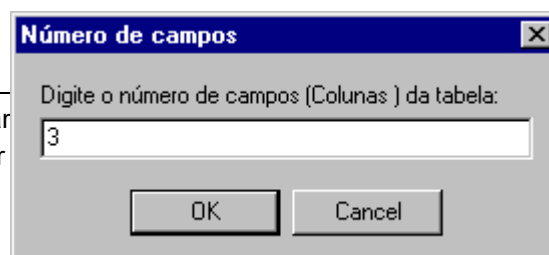


Neste caso digitamos exemplo, e em seguida o programa aciona diretório de destino, que pode ser escolhido pelo usuário (destino da Tabela).

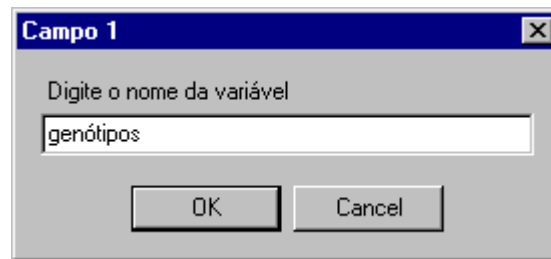


Em seguida o número de campos é solicitado ao usuário. O número de campos refere-se ao número de colunas que o arquivo (Tabela) terá. Por exemplo, se uma análise em que você tenha genótipos, ambientes e produtividade média, três colunas devem ser criadas.

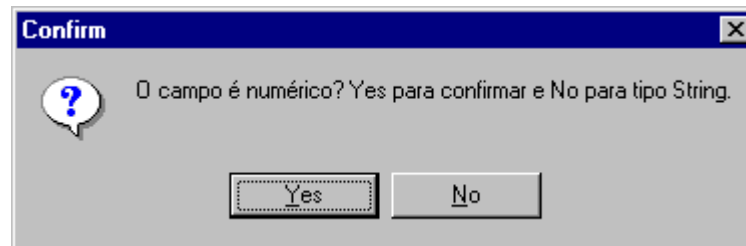
Banco_de_Dados_Criar
\$ Banco de Dados - Criar



Assim, o programa solicita que o usuário tecle o nome da variável do campo 1. No caso será genótipo, como apresentado a seguir:

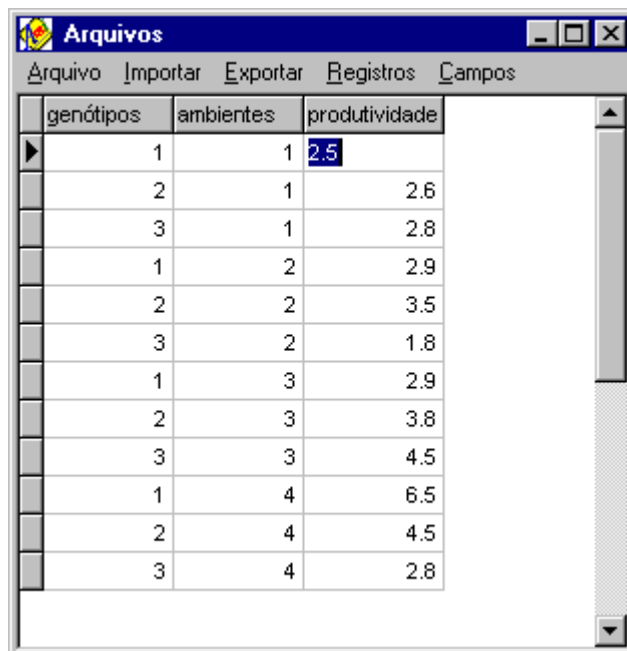


Dois tipos de campo foram habilitados para o usuário neste aplicativo, Bancos de dados com campos numéricos ou de texto. Embora isso seja uma opção do programa, o Delphi permite que sejam criados quaisquer tipos para um campo. É importante que se tenha em mente neste ponto, que a coluna de genótipos e de ambientes devem ser numéricas e sequenciais.



Nos próximos passos o programa solicita ao usuário o nome e o tipo de dado das duas próximas colunas. Que neste exemplo, definimos como ambiente e como produtividade. Após esses passos, uma planilha é apresentada na qual devemos introduzir os dados. Os registros (linhas) são introduzidos automaticamente, após o usuário digitar, bastando usar as setas do teclado para isso. Veja o resultado desse [EXEMPLO](#) de Tabela (Banco de dados).

\$ Banco de dados - Exemplo de criação



The screenshot shows a window titled "Arquivos" with a menu bar containing "Arquivo", "Importar", "Exportar", "Registros", and "Campos". Below the menu is a table with three columns: "genótipos", "ambientes", and "produtividade". The table contains 12 rows of data. The first row has values 1, 1, and 2.5. The second row has 2, 1, and 2.6. The third row has 3, 1, and 2.8. The fourth row has 1, 2, and 2.9. The fifth row has 2, 2, and 3.5. The sixth row has 3, 2, and 1.8. The seventh row has 1, 3, and 2.9. The eighth row has 2, 3, and 3.8. The ninth row has 3, 3, and 4.5. The tenth row has 1, 4, and 6.5. The eleventh row has 2, 4, and 4.5. The twelfth row has 3, 4, and 2.8.

genótipos	ambientes	produtividade
1	1	2.5
2	1	2.6
3	1	2.8
1	2	2.9
2	2	3.5
3	2	1.8
1	3	2.9
2	3	3.8
3	3	4.5
1	4	6.5
2	4	4.5
3	4	2.8

Observações importantes: O arquivo deve ter a seguinte estrutura:

- Uma coluna para genótipos: deve ser do tipo numérica numerada sequencialmente (1, 2, ..., g). Obs. Mesmo que você tenha os nomes dos genótipos para fins de análise o arquivo tem que ter esta coluna numérica, mas isso não impede você de criar uma coluna do tipo texto, para identificação posterior da codificação utilizada.
- Uma coluna para ambientes: também do tipo numérica, e sequencial (1, 2, ..., a). Você pode criar uma coluna auxiliar com os nomes dos ambientes da mesma forma.
- Finalmente o arquivo tem que ter pelo menos uma coluna, numérica, com uma variável a ser analisada. Todas as colunas numéricas do Banco de Dados (TABELA) serão analisadas.
- **CUIDADO:** Nenhuma linha em branco (campos nulos) deve permanecer no arquivo, Caso isso ocorra selecione deletar registros do menu, e elimine este(s) registro(s) do banco de dados, antes de efetuar a análise. Exemplo de um banco de dados inválido
- **Atenção:** outra fonte de erro é o pesquisador ao digitar as combinações de genótipo e ambiente omitir uma delas, por desatenção ou por repetir a combinação anterior. O número de registros será o mesmo. Infelizmente, o programa não verifica erros desta natureza. Erros desta natureza podem levar a somas de quadrados negativas, valores absurdos de F, SQ, QM, testes de t, também absurdos, para coeficientes de regressão. **CERTIFIQUE-SE QUE SEU BANCO DE DADOS ESTEJA CORRETAMENTE DEFINIDO, ISTO É DE SUA RESPONSABILIDADE.**

Banco_de_dados_Exemplo_de_criação

\$ Banco de dados - Exemplo de criação

- **OUTRA POSSIBILIDADE DE ERRO:** O usuário, ao fornecer os valores genotípicos (de identificação) ou de ambientes, pode digitar um valor acima do máximo no Banco de Dados. Assim se existem 10 genótipos e se no banco de dados for digitado, por engano, na coluna de genótipos o valor 11 para identificar por exemplo o 1, o programa acusará um erro, e cancelará a execução até que o banco de dados seja devidamente corrigido.
- O programa permite a importação de arquivos do tipo ASCII (Texto) com a mesma estrutura, sendo que os valores deste arquivo tem que ser separados por espaço ou por virgula entre os campos e por ponto entre a parte inteira e a decimal. Ao importar os campos serão denominados automaticamente por Var 1, Var 2, ..., Var n. (n é o número de campos do arquivo texto). Arquivos de planilhas, podem ser diretamente utilizados se forem salvos como: *.DBF (Arquivos Dbase).
- Permite que o usuário exporte os dados para formato texto.
- Permite que registros sejam deletados ou criados automaticamente, bem como deletar campos existentes ou criar novos (inserir) a Tabela .

\$ **Nomenclatura do Banco de Dados**

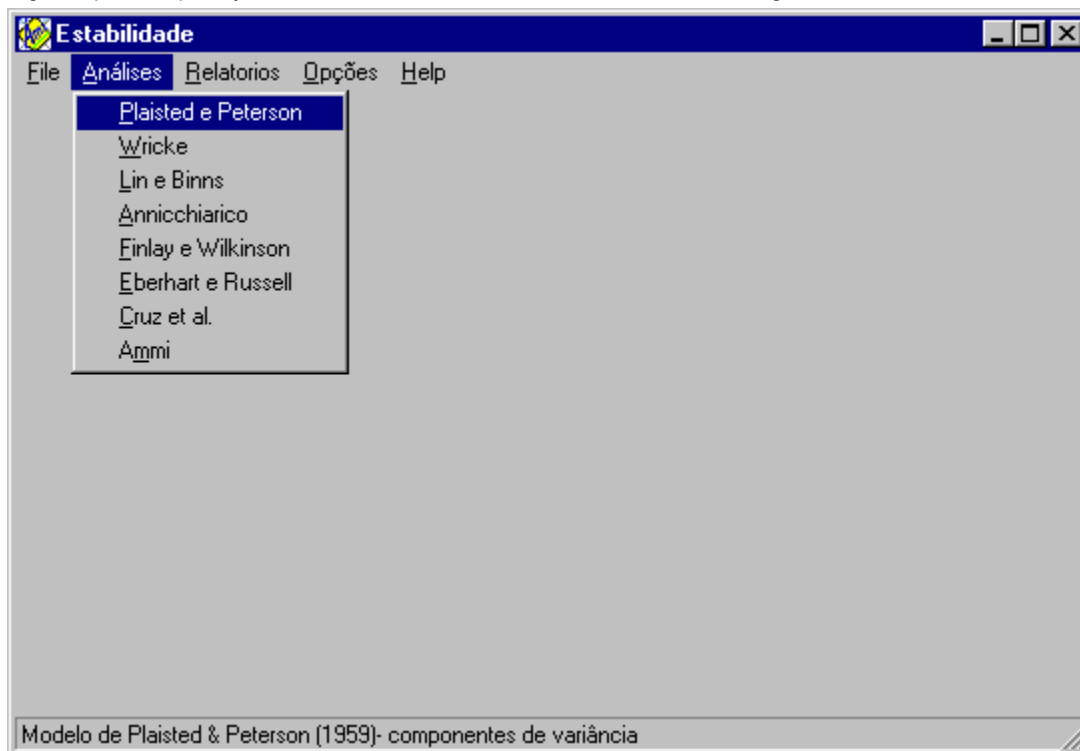
- ◆ Banco de Dados: Paradox, DBASE (*.DB ou *.DBF) sem nenhum [alias](#).
- ◆ Tabelas: Nome geral para os arquivos do banco de dados, composta de campos (colunas) dos registros e de registros (records), linhas do arquivo.
- ◆ Os tipos numéricos são do tipo ponto flutuante.

Nomenclatura_do_Banco_de_Dados

\$ Nomenclatura do Banco de Dados

\$ K A + **Análises propiciadas pelo programa**

O programa permite que sejam realizadas várias análises, conforme destacado a seguir:



- [Plaisted & Paterson \(1959\)](#) – Componentes de variância
- [Wricke \(1965\)](#) – Ecovalência
- [Lin & Binns \(1988\)](#) –Desvio do máximo ideal
- [Annicchiarico \(1992\)](#) – Índice de reabilidade
- [Finlay & Wilkinson \(1963\)](#) – Regressão linear simples
- [Eberhart & Russel \(1966\)](#) - Regressão linear simples
- [Cruz, Torres & Vencovsky \(1989\)](#) – Regressão linear bissegmentada
- [AMMI \(Mandel, 1971\)](#) – Análise multivariada, com um modelo com efeitos principais (genótipo e ambiente aditivo) e interação multiplicativa, utilizando componentes principais.
- [Relatórios](#) – Após realizada a análise apresenta relatório

Os experimentos para avaliar a interação genótipos x ambientes, apesar de grande importância, não fornecem informações pormenorizadas sobre o comportamento de cada genótipo frente as variações ambientais. As estratégias que permitem identificar os genótipos de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, são denominadas de análises de adaptabilidade e estabilidade (Plaisted e Paterson, 1959; Wricke, 1965; Finlay e Wilkinson, 1963; Eberhart e Russell, 1966; Tai, 1971; Verma, Chahal e Murty, 1978; Cruz, Torres e Vencovsky, 1989).

Análises_propiciadas_pelo_programa

\$ Análises propiciadas pelo programa

K Análises propiciadas pelo programa

A Análises propiciadas pelo programa

+ ESTAB:0

\$ K + **Plaisted & Paterson (1959)**

A metodologia proposta por Plaisted & Paterson (1959), o estimador do parâmetro que descreve a estabilidade (θ) é a média aritmética dos componentes de variância da interação entre pares de de genótipos x ambientes que envolve o genótipo para o qual se deseja inferir. A referência do artigo original é:

PLAISTED, R.L.; PATERSON, L.C. A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations or seasons. **American Potato Journal**, New Jersey, v.36, n.11, p.381-385, 1959.

Detalhamento técnico:

1. Computar os componentes (de interação) para cada par de genótipos i e i' , $i \neq i' = 1, 2, \dots, g$, por:

$$SQ(G_{ii'} \times A) = \frac{r}{2} \left[\sum_{j=1}^a (Y_{ij} - Y_{i'j})^2 - \frac{1}{a} (Y_i - Y_{i'})^2 \right]$$

$$\hat{\sigma}_{gaii'}^2 = \frac{[SQG_{ii'} \times A / (a - 1)] - QMR}{r}$$

2. Obter a média de todos os componentes fixado um determinado i , e variando i' .

Vantagem: pode ser aplicada a um conjunto pequeno de ambientes;

Desvantagem: Imprecisão do estimador, inerente aos componentes de variância, e a direção da resposta genotípica não determinada pelo método.

Plaisted_Paterson_959

\$ Plaisted & Paterson (1959)

K Plaisted & Paterson (1959)

+ ESTAB:0

\$ K A + **Wricke (1965)**

O método de Wricke (1965), conhecido como Ecovalência (ω_i), decompõe a soma de quadrados da interação devida a genótipo, da seguinte forma:

$$\omega_i = \sum_{j=1}^a \left(Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..} \right)^2$$

Está intimamente relacionada com a análise de [Plaisted & Paterson \(1959\)](#) e apresenta as mesmas vantagens e desvantagens dessa metodologia.

Trabalho original:

WRICKE, G. Zur berechnung der okovalenz bei sommerweizen und hofer. **Pflanzenzuchturg**, Berlin, v.52, p.127-138, 1965

Wricke_1965

\$ Wricke (1965)

K Wricke (1965)

A Wricke (1965)

+ ESTAB:0

\$ K + **Lin & Binns (1988)**

Metodologias mais simples como a apresentada por Lin e Binns (1988a e 1988b), na qual o genótipo é comparado a performance máxima de cada ambiente, tem sido empregada pela sua facilidade de manuseio e pela simplicidade dos resultados obtidos. Neste caso, é obtido o desdobramento da interação em um componente genético e um componente da interação. Desta forma, é obtido:

$$P_i = \sum_{j=1}^q (Y_{ij} - M_j)^2 / 2q$$

que representa um índice de estabilidade do genótipo i ; Y_{ij} é a produtividade do genótipo i no ambiente j ; M_j é a produtividade do genótipo com resposta máxima entre todos os genótipos no ambiente j ; e, q é o número de ambientes.

Essa expressão pode ser desdobrada em:

$$P_i = \left[q(\bar{Y}_i - \bar{M})^2 + \sum_{j=1}^q (Y_{ij} - \bar{Y}_i - M_j + \bar{M})^2 \right] / 2q$$

em que

$$\bar{Y}_i = \sum_{j=1}^q Y_{ij} / q$$

é a média do genótipo i ;

$$\bar{M} = \sum_{j=1}^q M_j / q$$

é a média dos genótipos com resposta máxima. Essa decomposição de P_i , prevê a sua partição em uma estimativa do efeito genético (primeiro componente) e outra do efeito da contribuição do genótipo i para a interação (segundo componente da expressão), e assim, permite inferir quais as cultivares que mais contribuem para a interação.

Obs= $q=a$ (número de ambientes)

Lin_Binns_1988

\$ Lin & Binns (1988)

K Lin & Binns (1988)

+ ESTAB:0

Os artigos relacionados com a metodologia de Lin e Binns (1988) são:

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A method of analyzing cultivar x location x year experiment: a new stability parameter. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.76, n.3, p.425-430, 1988a.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v.68, n.1, p.193-198, 1988b.

LIN, C.S.; BINNS, M.R.; LEFKOVICHTH, L.P. Stability analysis: where do we stand? **Crop Science**, Madison, v.26, n.5, p.894-900, 1986.

\$ K + **Annicchiaricho (1992)**

O índice proposto por Annicchiaricho (1992) para recomendação de cultivar, considera a probabilidade de risco, em um índice de recomendação, o qual incorpora a média de cultivar e o conceito de estabilidade. Neste caso, as médias de Cultivar é expressa em termos de uma porcentagem dos valores médios de ambientes. A média e o desvio padrão de cada cultivar é calculada para todos os ambientes com base nesta transformação. O índice I_i representa a estimativa da produtividade mais baixa, expressa como porcentagem da média ambiental, obtida com probabilidade $1-\alpha$, para a cultivar i :

$$I_i = \bar{Y}_i - Z_{(1-\alpha)} S_i$$

O valor de Z é o percentil da distribuição normal padronizada, para o qual a função de distribuição acumulada é $1-\alpha$. O índice é conhecido como índice de realibilidade (reliability index).

Os principais artigos são:

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in Northern Italy. **J. Genet. & Breed.** **46.** 269-278. 1992.

ANNICCHIARICO, P.; BERTOLINI, M.; MAZZINELLI, G. Analysis of genotype-environment interactions for maize hybrids in Italy. **J. Genet. & Breed.** **49.** 61-68. 1995.

Annicchiaricho_1992

\$ Annicchiaricho (1992)

K Annicchiaricho (1992)

+ ESTAB:0

\$ K + **Finlay & Wilkinson (1963)**

Os métodos propostos por Finlay & Wilkinson (1963) e [Eberhart & Russell \(1966\)](#) baseiam-se em ajuste de regressão linear simples, da média genotípica de cada ambiente com um índice ambiental, função da média dos ambientes para todos os genótipos. Estes métodos tem tido críticas a esse respeito, no entanto, alguns autores os defendem por serem simples, de fácil interpretação e quando muitos genótipos são analisados a sua principal limitação é desprezível, ou pode ser considerada desprezível. A presente metodologia, exige que sejam feitas transformações logarítmicas antes que a análise de estabilidade seja efetuada. O programa em questão, não pode fazer nenhuma verificação a esse respeito, uma vez que trabalha com as médias dos genótipos em cada ambiente. É de responsabilidade do usuário ter efetuada a transformação antes de utilizar o presente programa. Detalhes desta técnica bem como a de [Eberhart & Russell \(1966\)](#) , podem ser vistas em:

[EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A](#) . Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v.6., n.1, p.36-40, 1966.

FINLAY; WILKINSON The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian Journal of Agriculture Research**, East Melbourne, v.14, .6, p.742-754, 1963.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Universidade Federal de Viçosa. Imprensa universitária, Viçosa, MG, 1994. 390pp.

Finlay_Wilkinson_1963

\$ Finlay & Wilkinson (1963)

K Finlay & Wilkinson (1963)

+ ESTAB:0

\$ K + **Eberhart & Russell (1966)**

Estes Autores expandiram o método de [Finlay & Wilknsn \(1963\)](#), de tal maneira que os coeficientes de regressão e os desvios de regressão proporcionariam estimativas de parâmetros de estabilidade e adaptabilidade. Os Autores consideram um genótipo ideal aquele que possui média alta, coeficiente de regressão igual a 1,0 e desvio de regressão tão pequeno quanto possível. A [literatura](#) foi descrita anteriormente.

Eberhart_Russell_1966

\$ Eberhart & Russell (1966)

K Eberhart & Russell (1966)

+ ESTAB:0

\$ K + **Cruz, Torres & Vencovsky (1989)**

O modelo de análise proposto por estes Autores utiliza um modelo linear bissegmentado em uma única equação. O genótipo ideal seria aquele com média elevada, alta estabilidade, pouco sensível as condições adversas dos ambientes desfavoráveis e capaz de responder satisfatoriamente a melhoria das condições ambientais (ambientes favoráveis). Detalhes podem ser vistos na literatura específica apresentada a seguir:

Literatura específica:

CRUZ, C.D.; TORRES, R.A. de; VENCOVSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.12, n.2, p.567-80, 1989.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Umiversidade Federal de Viçosa. Imprensa universitária, Viçosa, MG, 1994. 390pp.

Cruz_Torres_Vencovsky_1989

\$ Cruz, Torres & Vencovsky (1989)

K Cruz, Torres & Vencovsky (1989)

+ ESTAB:0

\$ K + AMMI (Mandel, 1971)

O método multivariado AMMI (Additive Multiplicative Models Intercation), modelos de efeitos médios aditivos e interação multiplicativa (Mandel, 1971), baseia-se na análise de componentes principais (ACP), a partir dos efeitos de interação considerados multiplicativos. O modelo AMMI é descrito por:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + r_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

μ : constante geral do modelo;

g_i : é o efeito do genótipo i;

a_j : é o efeito do ambiente j;

λ_k : é o autovalor k do eixo ACP;

α_{ik} : é o escore do genótipo i no eixo k da ACP;

γ_{jk} : é o escore do ambiente j no eixo k da ACP;

n : número de CP retidos ($k \leq \min[(g-1), (a-1)]$);

R_{ij} : é o desvio da interação não explicada pelos CP retidos;

$\bar{\varepsilon}_{ij}$: é o erro médio da análise conjunta.

Literatura específica:

ARIAS, E.R.A. **Adaptabilidade e estabilidade dos cultivares de milho avaliados no estado de Mato Grosso do Sul e avanço genético obtido no período de 1986/87 a 1993/94**. Univesidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 1996. 118p. (Tese Doutorado).

CROSSA, J. Statistical analysis of multilocations trials. **Advances in Agronomy**, New York, v.44, p.55-85, 1990.

AMMI_Mandel_1971

\$ AMMI (Mandel, 1971)

K AMMI (Mandel, 1971)

+ ESTAB:0

CROSSA, J.; GAUCH Jr.; H.G.; ZOBEL, R.W. Additive main effects on multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. **Crop Science**, Madison, v.30, n.3, p.493-500, 1990.

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. 2th edition. Prentice Hall, University of Wisconsin, Texas, USA. 1988. 607p.

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

YAU, S.K. Regression and AMMI analysis of genotype x environmental interactions: an empirical comparison. *Agronomy Journal*, Madison, v.87, n.1, p.121-126, 1995.

\$ **About Estabilidade**



About_Estabilidade

\$ About Estabilidade

\$ **Universidade Federal de Lavras**



Universidade_Federal_de_Lavras

\$ Universidade Federal de Lavras

§ Departamento de Ciências Exatas

DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS EXATAS

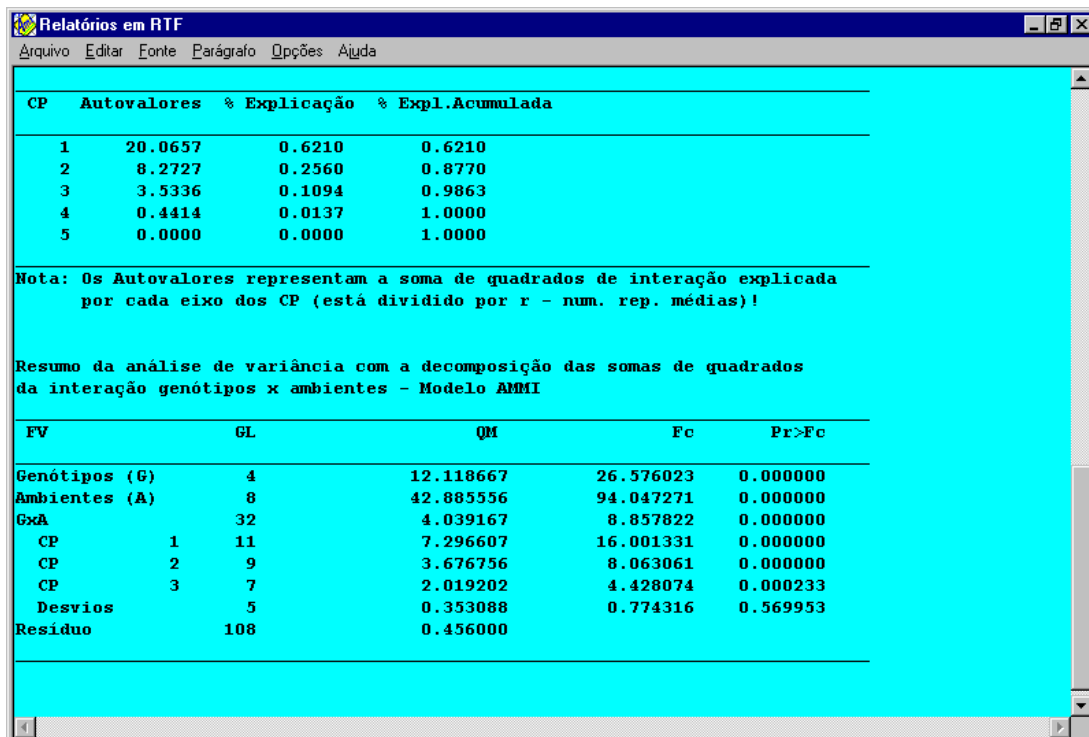


Departamento_de_Ciências_Exatas

§ Departamento de Ciências Exatas

\$ Relatórios de saída

Os relatórios são gerados toda vez que o usuário executa uma análise. O programa habilita um Editor em Rich Text Format, compatível com Microsoft Word. O usuário pode Salvar o arquivo, imprimi-lo, alterar fonte de blocos marcados, bem como copiar e colar, ou seja, é possível utilizar as funções conhecidas de outros editores de texto. Um exemplo de uma saída, é apresentado a seguir:



Relatórios em RTF

Arquivo Editar Fonte Parágrafo Opções Ajuda

CP	Autovalores	% Explicação	% Expl.Acumulada
1	20.0657	0.6210	0.6210
2	8.2727	0.2560	0.8770
3	3.5336	0.1094	0.9863
4	0.4414	0.0137	1.0000
5	0.0000	0.0000	1.0000

Nota: Os Autovalores representam a soma de quadrados de interação explicada por cada eixo dos CP (está dividido por r - num. rep. médias)!

Resumo da análise de variância com a decomposição das somas de quadrados da interação genótipos x ambientes - Modelo AMMI

FV	GL	QM	Fc	Pr>Fc	
Genótipos (G)	4	12.118667	26.576023	0.000000	
Ambientes (A)	8	42.885556	94.047271	0.000000	
GxA	32	4.039167	8.857822	0.000000	
CP	1	11	7.296607	16.001331	0.000000
CP	2	9	3.676756	8.063061	0.000000
CP	3	7	2.019202	4.428074	0.000233
Desvios	5	0.353088	0.774316	0.569953	
Resíduo	108	0.456000			

Relatórios_de_saída

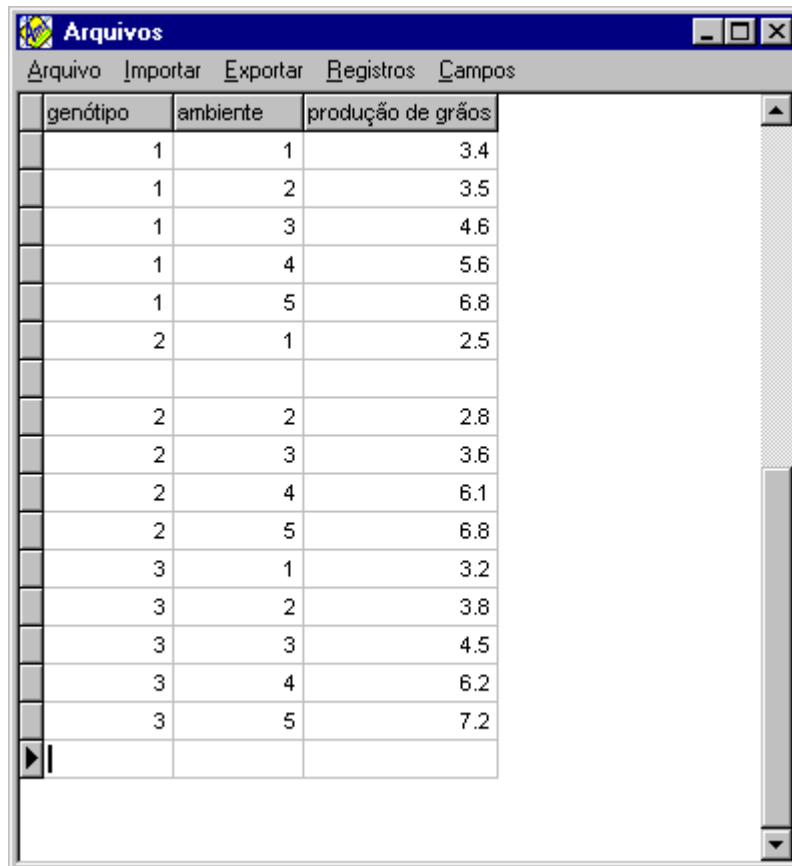
\$ Relatórios de saída

§ **Especificações técnicas**

- ◆ **Memória mínima requerida: 16 megabytes**
- ◆ **Número máximo de genótipos: 600**
- ◆ **Número máximo de ambientes: 600**
- ◆ **Sistema: Windows 95 ou 98**
- ◆ **Versão Multi usuário: Cliente/Servidor**
- ◆

\$ Exemplo de um banco de dados inválido

Este exemplo não funciona, por possuir registros em branco tanto no meio do banco de dados como no final do mesmo. Não necessariamente precisaria ter os dois erros (dois registros em branco apresentados), bastaria apenas um deles para não funcionar, ou seja, o programa acusará um erro automaticamente.



genótipo	ambiente	produção de grãos
1	1	3.4
1	2	3.5
1	3	4.6
1	4	5.6
1	5	6.8
2	1	2.5
2	2	2.8
2	3	3.6
2	4	6.1
2	5	6.8
3	1	3.2
3	2	3.8
3	3	4.5
3	4	6.2
3	5	7.2

Exemplo_de_um_banco_de_dados_inválido

\$ Exemplo de um banco de dados inválido