

Modelos Estadísticos
Multiplicativos
para el Análisis de la
Interacción
Genotipo x Ambiente

José Crossa

Unidad de Biometría y Estadística
CIMMYT, México

Paul L. Cornelius

Departamento de Agronomía y
Departamento de Estadística
Universidad de Kentucky, EUA

Mateo Vargas

Universidad Autónoma de Chapingo
Chapingo, México

CIMMYT LIBRARY

Introducción

En los últimos 10 años se han logrado avances importantes en el uso de los modelos estadísticos multiplicativos para el análisis de ensayos de genotipos en ambientes múltiples y el estudio del complicado fenómeno de la interacción genotipo \times ambiente (IGA). A estos modelos, Cornelius y Seyedsadr (1997) los definen como modelos lineales-bilineales generales por que tienen términos aditivos (lineales) y términos multiplicativos (bilineales). Los modelos estadísticos multiplicativos, en el contexto de ensayos de genotipos, son útiles para:

- 1) estudiar patrones de respuesta de genotipos evaluados a través de ambientes y para medir su estabilidad y adaptabilidad,
- 2) separar de la interacción genotipo \times ambiente
 - la interacción opuesta (IO) (de cruzamiento) de
 - la interacción no-opuesta (INO) (de no cruzamiento),de tal forma que puedan agruparse ambientes y/o genotipos con respuesta similar y con INO;
- 3) estimar la producción real de los genotipos en los ambientes, de tal forma que se obtenga una mejor estimación que el tradicional promedio (de repeticiones) de un genotipo en un ambiente.

En general, los modelos multiplicativos tienen un componente aditivo (lineal) y un componente que consiste en la suma de términos multiplicativos (bilineal). Los componentes multiplicativos de estos modelos se ajustan secuencialmente, y las pruebas de hipótesis para determinar si dichos componentes son significativamente diferentes de cero son, en su mayoría, aproximadas, a menos de que exista una medida independiente del error aleatorio. Estas pruebas de hipótesis intentan determinar el número óptimo de términos multiplicativos que capturen, hasta donde sea posible, los patrones de respuesta reales de los genotipos y ambientes (con más señal que ruido);

asimismo, intentan dejar en el “residual” los componentes que representen más ruido que señal y que no sean significativamente diferentes de cero (Cornelius, 1993; Cornelius et al., 1993a; Cornelius et al., 1996). De esta manera, el modelo óptimo para ajustar los datos tiene un número reducido de componentes multiplicativos, y se denomina modelo multiplicativo truncado. Los componentes con más señal que ruido representarían la parte estructural de la IGA; teóricamente, se podría considerar como la parte repetible de la interacción, o sea la IGA, que se repetiría en otros ambientes y/o en años futuros. A su vez, los componentes con más ruido que señal, representarían la parte no estructural de la IGA e indicarían la porción no repetible de ésta.

Respecto a la predicción de la producción de un genotipo en un ambiente (también conocida como la predicción de una celda en la tabla de doble entrada de genotipos y ambientes), recientemente se han realizado estudios teóricos y prácticos que han mostrado que los modelos multiplicativos con estimadores “encogidos” (*shrinkage*) pueden usarse para predecir la producción de genotipos en ambientes (Cornelius y Crossa, 1995; Cornelius y Crossa, 1999). Estos autores han mostrado que los estimadores encogidos de los modelos multiplicativos sirven también como estimadores Bayesianos. Se ha encontrado que, en algunos casos, con estos modelos puede obtenerse una mejor predicción de la producción de un genotipo en un ambiente que con los conocidos estimadores BLUP (Best Linear Unbiased Predictors) de los promedios de las celdas (Cornelius y Crossa, 1999), e incluso mejora los valores predichos de los modelos multiplicativos truncados (con un número reducido de componentes multiplicativos). En todos los conjuntos de datos analizados se encontró que los peores predictores son los promedios aritméticos de producción de un genotipo en un ambiente.

Otro tipo de modelos multiplicativos son aquellos conocidos como modelos de regresión factorial (Denis, 1988; van Eeuwijk et al., 1996), que contienen una parte aditiva que incluye los efectos de la media general, de genotipos y de ambiente, y una parte multiplicativa (IGA) que contiene covariables externas, ya sea ambientales y/o genotípicas, que intentan explicar

la IGA. Estos modelos de regresión factorial, así como el modelo de regresión por mínimos cuadrados parciales, han demostrado ser muy efectivos para explicar e interpretar la IGA, además de estudiar qué variables climáticas o de suelo, o qué atributo genotípico, como marcadores moleculares asociados a QTL's (quantitative trait loci), describen y explican una mayor variabilidad de la IGA (Vargas et al., 1998, Vargas et al., 1999; Crossa et al., 1999). El algoritmo de mínimos cuadrados parciales es muy útil cuando hay un gran número de covariables externas que afectan la variable de respuesta y se desea elegir solamente un subgrupo de ellas.

En este estudio se revisa, explica e ilustra el uso de los modelos SHMM y SREG para agrupar ambientes con INO, así como el uso de las soluciones no restringidas y restringidas de estos modelos.

Los modelos estadísticos multiplicativos

Existen cinco modelos multiplicativos que pueden ser potencialmente usados en el análisis de g genotipos ($i=1, 2, \dots, g$) evaluados en e ambientes ($j=1, 2, \dots, e$). El modelo AMMI (Additive Main effect and Multiplicative Interaction)

$$\bar{y}_{ij} = \mu + \tau_i + \delta_j + \sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

donde \bar{y}_{ij} es el promedio del i -ésimo genotipo en el j -ésimo ambiente para la variable medida, μ es la media general, τ_i es el efecto de genotipos, δ_j es el efecto de ambientes, $\bar{\varepsilon}_{ij}$ es el error aleatorio no observable que se asume

homogéneo con distribuciones normales e independientes, o sea, $NID(0, \frac{\sigma^2}{n})$

(n =número de repeticiones en cada ambiente; σ^2 =varianza del error aleatorio). La IGA está dada por la suma de los términos multiplicativos $\sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk}$. Los

parámetros a ser estimados, aparte de la varianza del error aleatorio, σ^2 y los efectos principales de genotipos y ambientes son los siguientes: λ_k es el parámetro de escala o valor singular del k-ésimo componente multiplicativo que, ordenados en forma decreciente, quedan $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_t$, α_{ik} es el vector singular izquierdo del k-ésimo componente y representa sensibilidades de los genotipos a ciertos factores ambientales hipotéticos dados por el vector singular derecho, γ_{jk} , del k-ésimo componente. Los α_{ik} y los γ_{jk} están sujetos a restricciones de normalización $\sum_i \alpha_{ik}^2 = \sum_j \gamma_{jk}^2 = 1$ y a restricciones de ortogonalidad

$$\sum_i \alpha_{ik} \alpha_{ik'} = \sum_j \gamma_{jk} \gamma_{jk'} = 0 \text{ para } k \neq k'. \text{ En este modelo, los estimadores de mínimos}$$

cuadrados de los efectos aditivos, media general, efecto de genotipos y ambientes, no dependen de los estimadores de mínimos cuadrados de los efectos multiplicativos y son $\hat{\mu} = \bar{y}_{..}$, $\hat{\tau}_i = \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..}$ y $\hat{\delta}_j = \bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..}$. Los estimadores de

mínimos cuadrados de los efectos multiplicativos son calculados de la descomposición del valor singular de la matriz de residuales (**Z**) obtenida luego de estimar los efectos aditivos. Para el modelo saturado donde $t = \min(g-1, e-1)$,

$$z_{ij} = \bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..} = \sum_{k=1}^t \hat{\lambda}_k \hat{\alpha}_{ik} \hat{\gamma}_{jk}. \text{ Gabriel (1978) ha mostrado que si los}$$

componentes de la descomposición singular de la matriz **Z** son ordenados en forma decreciente con respecto al valor singular, el primer componente multiplicativo da una matriz de orden uno que aproxima por mínimos cuadrados a la matriz **Z**; los dos primeros componentes multiplicativos dan una matriz de orden dos que aproxima por mínimos cuadrados a la matriz **Z**.

Del modelo AMMI se pueden suprimir los efectos principales de ambientes y así obtener el modelo de regresión de genotipos (GREG)

$$\bar{y}_{ij} = \mu_i + \sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

donde $\mu_i = \mu + \tau_i$. Los estimadores de mínimos cuadrados de este modelo son $\hat{\mu}_i = \bar{y}_i$, y $z_{ij} = \bar{y}_{ij} - \bar{y}_i$. El modelo GREG es una reparametrización del modelo convencional de estabilidad de Finlay y Wilkinson (1963) y Eberhart y Russell (1966) donde se hace la regresión del valor de los genotipos en los promedios o índices ambientales. En este análisis convencional los estimadores de estabilidad no son estimadores de mínimos cuadrados, mientras que aquellos obtenidos del ajuste del modelo GREG sí son estimadores de mínimos cuadrados. En el modelo GREG los vectores singulares de genotipos para el primer componente multiplicativo, α_{i1} , representan el coeficiente de regresión de cada genotipo, y los vectores singulares de ambientes del primer componente multiplicativo, γ_{j1} , serían los índices ambientales. El valor λ_1 puede ser parcialmente absorbido en α_{i1} y/o en γ_{j1} . Todos los componentes multiplicativos mayores que el primero ($t > 1$) se pueden combinar y se pueden considerar como la desviación de regresión. Así

$$\bar{y}_{ij} = \mu_i + \lambda_1 \alpha_{i1} \gamma_{j1} + \sum_{k=2}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

En la solución por mínimos cuadrados los valores γ_{j1} no son necesariamente proporcionales al efecto principal del ambiente $\bar{y}_j - \bar{y}_{..}$.

Si se omiten del modelo AMMI los efectos principales de genotipos, obtenemos el modelo de regresión de ambientes (SREG)

$$\bar{y}_{ij} = \mu_j + \sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

donde $\mu_j = \mu + \delta_j$. Los estimadores de mínimos cuadrados del modelo SREG son $\hat{\mu}_j = \bar{y}_j$, y $z_{ij} = \bar{y}_{ij} - \bar{y}_j$.

Si se suprimen tanto los efectos principales de genotipos como de ambientes del modelo AMMI, obtenemos el modelo completamente multiplicativo (COMM)

$$\bar{y}_{ij} = \sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

donde el estimador de mínimos cuadrados del residual es $z_{ij} = \bar{y}_{ij}$.

El modelo SHMM tiene como efecto aditivo el parámetro β y es de la forma

$$\bar{y}_{ij} = \beta + \sum_{k=1}^t \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

Seyedsard y Cornelius (1982) han mostrado que este modelo es una reparametrización del modelo de no aditividad de Tukey (1949) y que el parámetro β es un parámetro de "cambio" con propiedades que, como se verá más adelante, pueden utilizarse en el estudio de la IO e INO. Los vectores singulares de genotipos y ambientes para los diferentes componentes se llaman "efectos primarios" $(\alpha_{i1}, \gamma_{j1})$, "efectos secundarios" $(\alpha_{i2}, \gamma_{j2})$, etc. El ajuste de β por mínimos cuadrados requiere de un algoritmo iterativo, dado que

$$\hat{z}_{ij} = \bar{y}_{ij} - \hat{\beta} \text{ pero } \hat{\beta} = \bar{y}_{..} - \sum_{k=1}^t \lambda_k \bar{\hat{\alpha}}_k \bar{\hat{\gamma}}_k \text{ (donde } \bar{\hat{\alpha}}_k = \frac{\sum_i \hat{\alpha}_{ik}}{g}, \bar{\hat{\gamma}}_k = \frac{\sum_j \hat{\gamma}_{jk}}{e} \text{)}$$

depende de la descomposición del valor singular de la matriz \mathbf{Z} , por lo que cambiando el número de componentes multiplicativos cambia el valor de β .

En estos cinco modelos multiplicativos es posible graficar los vectores singulares de genotipos y ambientes para el primer $(\alpha_{i1}, \gamma_{j1})$ y segundo componentes $(\alpha_{i2}, \gamma_{j2})$ multiplicativos, comenzando desde el origen y terminando en los puntos determinados por los *scores*. Así se obtiene una gráfica llamada "biplot", que aproxima los datos originales de la matriz \mathbf{Z} (Bradú y Gabriel, 1978), y donde el coseno del ángulo formado por los vectores entre dos genotipos (o ambientes) aproxima la correlación entre estos genotipos (o ambientes) respecto a la interacción. Los biplots resultan muy útiles ya que permiten observar las direcciones de los genotipos y los ambientes, las

proyecciones de unos en los otros, lo cual permite determinar las interacciones y asociaciones entre ellos. La interacción de un genotipo en ambientes se aproxima por la proyección ortogonal de ese genotipo en los vectores de los ambientes. Así, genotipos y ambientes con la misma dirección tienen interacción positiva. También se pueden observar patrones de respuesta de genotipos en ciertos ambientes y observar los mejores genotipos en subgrupos de ambientes (mega-ambientes). El biplot que más comúnmente se ha usado y estudiado es el que se obtiene del modelo AMMI, donde lo que se grafica es estrictamente el efecto de la IGA. También se pueden graficar los dos componentes multiplicativos de los modelos SHMM y SREG de manera que puedan ubicarse subgrupos de ambientes con INO de genotipos. En el modelo SREG lo que se grafica en el biplot es el efecto principal de genotipos más el efecto de la IGA. En este estudio no se presentarán gráficas de biplot sino otras derivadas del uso de los modelos SHMM y SREG para la INO.

El Modelo Multiplicativo SHMM y su relación con la interacción opuesta

En producción vegetal, la IO es la más importante porque implica cambio de ordenamiento de los genotipos en los ambientes, en contraposición con la INO, que indica que los genotipos tienen el mismo ordenamiento en todos los ambientes. En general, en los ensayos de genotipos evaluados en ambientes múltiples, la IGA que predomina es la IO. Cuando Gregorius y Namkoong (1986) desarrollaron el concepto de separabilidad de genotipos y ambientes, propusieron un operador multiplicativo basado en el producto de las funciones de los efectos genotípicos por las funciones de los efectos ambientales más una constante. Gregorius y Namkoong (1986) no propusieron un modelo estadístico para modelar el concepto de separabilidad propuesto; sin embargo, Cornelius et al. (1992) muestran que este operador es un caso particular del modelo SHMM cuando éste tiene un solo componente multiplicativo (SHMM₁).

Desde principios de los 90 hasta la fecha, ha habido estudios teóricos y aplicaciones prácticas que explican la forma en que puede usarse el modelo SHMM para agrupar ambientes similares (e identificar mega-ambientes) sin IO entre genotipos (Comelius et al. 1992; Crossa et al. 1993; Crossa y Cornelius, 1993; Crossa et al., 1995; Crossa et al., 1996; Crossa y Cornelius, 1997; Osman et al., 1997). A fin de formar subgrupos de genotipos con respuesta similar y sin IO (Crossa y Cornelius, 1993; Cornelius et al, 1993b; Osman et al, 1997). Cornelius et al. (1992) exploran los resultados de SHMM₁ y definen las condiciones suficientes para la ausencia de IO significativa en genotipos y/o ambientes:

- 1) El SHMM₁ es adecuado para ajustar los datos, o sea, que todos los componentes multiplicativos mayores al primero son no significativamente diferentes de cero,
- 2) Los efectos primarios de genotipos, α_{i1} , son de signos iguales
- 3) Los efectos primarios de ambientes, γ_{j1} , son de signos iguales

El modelo SHMM impone dos restricciones de proporcionalidad más en los datos analizados, que son

- las diferencias de genotipos en un ambiente deben ser proporcionales a las diferencias de esos genotipos en otro ambiente cualquiera, y que
- las diferencias entre ambientes para un genotipo deben ser proporcionales a las diferencias de esos ambientes en otro genotipo cualquiera.

Sin embargo, esta última restricción de proporcionalidad del modelo SHMM no es relevante para el caso de IO genotípica y se puede flexibilizar usando otro modelo multiplicativo (como el modelo SREG), que no incluya esta segunda restricción.

Se ha encontrado que si el ajuste de SHMM con solo un componente multiplicativo (SHMM₁) es adecuado, entonces se cumplen las dos restricciones de proporcionalidad, en tanto que si el modelo SHMM₁ no ajusta los datos adecuadamente, entonces se predicen diferencias entre genotipos en un ambiente cualquiera que son no proporcionales (desviación de proporcionalidad)

de las diferencias entre esos genotipos en cualquier otro ambiente. Usando SHMM se pueden identificar subconjuntos de ambientes (mega-ambientes) donde los genotipos no presentan interacción opuesta (IO), o formar subconjuntos de genotipos sin interacción opuesta (IO), y de esta forma se pueden observar patrones de respuesta similares para ciertos genotipos.

Cuando se grafican los valores predichos de SHMM₁ (como ordenadas) contra los efectos primarios de ambientes, γ_{j1} , (como abscisas), la gráfica consiste en un conjunto de líneas de regresión, una para cada genotipo. Estas líneas de regresión son concurrentes si se intersectan en el punto $(0, \hat{\beta})$, pero pueden no serlo, es decir, pueden no interceptarse. Es claro que si este punto de intersección (conurrencia) está dentro del rango de variación de los datos, esto es, el valor de $\hat{\beta}$ está dentro del rango de valor de los datos, entonces las líneas de regresión de los genotipos se intersectan (concurrentes) en $\hat{\beta}$. Si este es el caso, el modelo SHMM₁ muestra falta de ajuste (los efectos secundarios, terciarios, etc, son significativamente diferentes de cero) y se predice una IO con un completo cambio de ordenamiento de los genotipos en los ambientes con valores opuestos de γ_{j1} . En este caso, los efectos primarios de ambientes (γ_{j1}) tienen signos diferentes. Por el contrario, si el punto de intersección está fuera del rango de variación de los datos, o sea, el valor de $\hat{\beta}$ está corrido a la derecha o a la izquierda de la gráfica, las líneas de regresión de los genotipos parecen casi paralelas y el modelo SHMM₁ no muestra falta de ajuste (los efectos secundarios, terciarios, etc. son no significativamente diferentes de cero), entonces se predice una INO, y los genotipos no muestran cambio de ordenamiento en los ambientes. En este caso, los efectos primarios (γ_{j1}) de ambientes tienen signos iguales.

Se ha visto que el modelo AMMI no es sensible al caso de concurrencia de genotipos o de ambientes. Por el contrario, el modelo SHMM es sensible cuando los datos tienen un patrón de concurrencia ya sea en los genotipos o en

los ambientes, porque esta variabilidad es capturada en el ajuste de mínimos cuadrados en los efectos primarios.

Métodos de agrupamiento de ambientes y/o genotipos usando el Modelo SHMM

El propósito es agrupar ambientes y/o genotipos homogéneos, o sea con INO, y, por lo tanto, con una respuesta consistente. Para esto, se trata de que la variabilidad debida a los efectos secundarios, terciarios, etc., que existe en el análisis cuando se incluyen todos los ambientes y genotipos, se recupere exclusivamente en los efectos primarios cuando se forman subgrupos con menos ambientes y/o genotipos, o que se adjudique a las diferencias entre estos subgrupos. Así, para el agrupamiento de ambientes y/o genotipos con INO se define una medida de distancia entre dos ambientes, que es la suma de cuadrados residual después de ajustar el modelo SHMM₁ [RSS(SHMM₁)]. La RSS(SHMM₁) trata de capturar toda la variabilidad generada en la IO, mientras que en los efectos primarios se trata de capturar la mayor variabilidad posible debida a la INO.

Si SHMM₁ es un modelo adecuado para ajustar los datos, y los efectos primarios de ambientes, γ_{j1} , son todos del mismo signo, o sea que existe INO de genotipos, entonces existe una solución no-restringida de SHMM₁ con INO de genotipos que se calcula de forma directa:

- 1) para dos ambientes, la solución es $RSS(SHMM_1) = RSS(SREG_1)$, donde SHMM₁ es una reparametrización del modelo SREG₁ y
- 2) para dos genotipos, la solución es $RSS(SHMM_1) = RSS(GREG_1)$, donde SHMM₁ es una reparametrización del modelo GREG₁

Si SHMM₁ es un modelo adecuado para ajustar los datos, pero los efectos primarios de ambientes γ_{j1} no son del mismo signo, o sea que existe IO, entonces la distancia $RSS(SHMM_1)$ entre dos ambientes cualquiera se define

obteniendo una solución restringida de SHMM₁ con INO de genotipos que fuerce el valor mayor o menor de γ_{j1} igual a cero. Existen dos tipos de soluciones restringidas para SHMM₁ con INO de genotipos: una es la solución que usa el método de mínimos cuadrados (LS), y la otra es la solución que usa la descomposición del valor singular de la matriz de residuales (SVD).

Una vez que se han calculado las distancias entre todos los pares de ambientes y/o genotipos, se aplica la estrategia de agrupamiento, que consiste en el máximo ligamiento entre grupos y se obtiene un dendograma (o árbol de clasificación). Se inspeccionan las diferentes ramas del dendograma a fin de identificar subgrupos de ambientes y/o genotipos donde SHMM₁ sea el modelo adecuado para ajustar los datos.

Solución LS restringida de SHMM₁ con INO de genotipos para dos ambientes

La solución LS restringida de SHMM₁ con INO de genotipos fue inicialmente propuesta por Crossa et al. (1993) para agrupar ambientes con INO de genotipos. Posteriormente, Crossa et al. (1996) proponen la solución SVD restringida de SHMM₁ con INO de genotipos para agrupar ambientes. Los autores también ilustran con ejemplos los dos casos de restricciones y concluyen que en muchas situaciones no hay ventajas importantes en el uso de un tipo de restricción sobre el otro.

Supóngase que para dos ambientes, 1 y 2, los valores estimados de los efectos primarios de SHMM₁ difieren en signo de tal forma que, por ejemplo, $\hat{\gamma}_{11} < 0$ y $\hat{\gamma}_{21} > 0$. Se puede forzar $\hat{\gamma}_{11} = 0$, lo que implica forzar el punto de intersección (conurrencia) de las líneas de regresión de los genotipos a moverse de izquierda a derecha en la gráfica. También se puede hacer $\hat{\gamma}_{21} = 0$, lo que implica forzar el punto de intersección de las líneas de regresión de los

genotipos a moverse de derecha a izquierda en la gráfica. La mejor solución es la que minimice la RSS(SHMM₁).

Si se asume que $\hat{\gamma}_{11} = 0$, $\hat{\gamma}_{21} = 1$ y $\hat{\beta} = \bar{y}_{.1}$ el valor predicho de SHMM₁

- en el ambiente 1 es $y_{i1} = \bar{y}_{.1} + \hat{\lambda}_1 \hat{\alpha}_{i1} (0) = \bar{y}_{.1}$
- en el ambiente 2 es $y_{i2} = \bar{y}_{.1} + \hat{\lambda}_1 \hat{\alpha}_{i1} (1) = \bar{y}_{.1} + \hat{\lambda}_1 \hat{\alpha}_{i1}$

de tal forma que $\hat{\lambda}_1 \hat{\alpha}_{i1} = y_{i2} - \bar{y}_{.1}$.

De esta manera, $RSS(SHMM_1) = \sum_i (y_{i1} - \hat{y}_{i1})^2 = \sum_i (y_{i1} - \bar{y}_{.1})^2$ es la suma de cuadrados de genotipos dentro del ambiente 1. La RSS(SHMM₁) para el ambiente 2 es igual a cero (SHMM₁ da un ajuste perfecto).

En forma matricial esta derivación se puede hacer considerando $\hat{\beta} = \bar{y}_{.1}$,

$$\hat{\lambda}_1 = \frac{1}{[\sum_i (y_{i2} - \bar{y}_{.1})^2]^{\frac{1}{2}}}, \hat{\gamma}_{11} = 0, \hat{\gamma}_{21} = 1, \text{ y } \hat{\lambda}_1 \hat{\alpha}_1 = \begin{bmatrix} y_{12} - \bar{y}_{.1} \\ y_{22} - \bar{y}_{.1} \\ \vdots \\ y_{g2} - \bar{y}_{.1} \end{bmatrix} \text{ Entonces los}$$

valores predichos de SHMM₁ para cada uno de los ambientes están dados por

$$\hat{Y} = \hat{\beta} J + \hat{\lambda}_1 \hat{\alpha}_1 \hat{\gamma}'_1 = \bar{y}_{.1} \begin{bmatrix} 1 & 1 \\ 1 & 1 \\ \vdots & \vdots \\ 1 & 1 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} y_{12} - \bar{y}_{.1} \\ y_{22} - \bar{y}_{.1} \\ \vdots \\ y_{g2} - \bar{y}_{.1} \end{bmatrix} [0, 1] = \begin{bmatrix} \bar{y}_{.1} & y_{12} \\ \bar{y}_{.1} & y_{22} \\ \vdots & \vdots \\ \bar{y}_{.1} & y_{g2} \end{bmatrix} = RSS(SHMM_1).$$

donde J es una matriz g x 2 de unos, $\hat{\gamma}'_1$ es un vector 1 x 2, $\hat{\lambda}_1 \hat{\alpha}_1$ es un vector de

g x 1. Así, $RSS(SHMM_1) = \sum_i (y_{i1} - \bar{y}_{.1})^2$, porque en el ambiente 2 los valores esperados y predichos de SHMM₁ son iguales.

Por otro lado, si se supone que $\hat{\gamma}_{11} = -1$, $\hat{\gamma}_{21} = 0$ y $\hat{\beta} = \bar{y}_{.2}$ el valor predicho de SHMM₁

- en el ambiente 1 es $y_{i1} = \bar{y}_{.2} + \hat{\lambda}_1 \hat{\alpha}_{i1} (-1) = \bar{y}_{.2} - \hat{\lambda}_1 \hat{\alpha}_{i1}$

- en el ambiente 2 es $y_{i2} = \bar{y}_{.2} + \hat{\lambda}_1 \hat{\alpha}_{i1} (0) = \bar{y}_{.2}$

de tal forma que $\hat{\lambda}_1 \hat{\alpha}_{i1} = \bar{y}_{.2} - y_{i1}$.

De esta manera, $RSS(SHMM_1) = \sum_i (y_{i2} - \hat{y}_{i2})^2 = \sum_i (y_{i2} - \bar{y}_{.2})^2$ es la suma de cuadrados de genotipos dentro del ambiente 2. La $RSS(SHMM_1)$ para el ambiente 1 es igual a cero ($SHMM_1$ da un ajuste perfecto). La derivación en forma matricial puede hacerse de la misma manera como en el caso anterior pero cambiando los subíndices.

Estas dos soluciones son cerradas, en el sentido de que no necesitan un proceso iterativo para su cálculo. La mejor solución restringida del modelo $SHMM_1$ con INO de genotipos es la menor de estas dos sumas de cuadrados (Crossa et al., 1993). En Crossa et al. (1996) se presentan soluciones restringidas tanto del tipo LS como de la forma SVD para dos o más ambientes; como estas soluciones no son cerradas, se necesita un proceso iterativo para su cálculo. Crossa et al. (1996) presenta modificaciones del algoritmo Newton-Rapson para obtener soluciones restringidas del tipo LS que necesitan de un proceso iterativo.

El efecto de las soluciones restringidas es que mucha de la variabilidad capturada en los efectos primarios, cuando se calcula una solución no restringida $SHMM_1$, se redistribuye en los efectos secundarios, terciarios, etc. de la solución LS o SVD $SHMM_1$ restringida. Entonces la variabilidad residual después de ajustar el primer componente se incrementa cuando se calcula la solución restringida. Podría pensarse que esto alteraría la estructura del dendograma y los grupos finales de ambientes obtenidos, pero en los ejemplos usados por Crossa et al. (1996) los dendogramas obtenidos usando las soluciones LS y SVD y los grupos finales encontrados usando ambas soluciones fueron iguales. Sin embargo, no se descarta la opción de que puedan obtenerse resultados diferentes con otros datos.

El problema que se presenta en experimentos de genotipos evaluados en varios ambientes es el de heterogeneidad de varianza. Para $SHMM$ esto requiere un análisis con estimadores de mínimos cuadrados ponderados, lo cual

no es tan fácil de obtener mediante la computación. Crossa y Cornelius (1997) hacen el análisis SHMM y SREG, donde los datos se ponderan por el inverso del error estándar de la media de genotipos en cada ambiente. Sin embargo, si el análisis SHMM se hace sobre los datos transformados de esta manera, el modelo llevado a su escala original ya no es un modelo SHMM, debido a que el parámetro de cambio β es diferente para cada ambiente (véase próxima sección). A pesar de este problema, no se cree que un análisis SHMM con estimadores de mínimos cuadrados ponderados tenga más sensibilidad que si se realiza el análisis SHMM sobre los datos transformados usando el inverso del error estándar de la media de genotipo en cada ambiente. Como el modelo SHMM₁ es una reparametrización del modelo SREG₁ y el modelo SREG es computacionalmente más simple que el modelo SHMM, su uso es más apropiado para obtener subgrupos de ambientes con INO de genotipos (véase próxima sección).

El Modelo Multiplicativo SREG y su relación con la interacción opuesta

Para agrupar ambientes en subgrupos homogéneos sin IO de genotipos se ha observado que el modelo SREG₁ es una mejor opción que el modelo SHMM₁. Existen dos razones principales por las cuales SREG₁ puede ser preferible a SHMM₁. Una de ellas es que SREG₁ es más flexible que SHMM₁ a los requerimientos de proporcionalidad, dado que SREG₁ sólo requiere proporcionalidad entre genotipos en ambientes pero no la proporcionalidad de ambientes en genotipos, que es irrelevante para este caso (Crossa y Cornelius, 1997). Otra razón de que se prefiera SREG a SHMM para agrupar ambientes, es que el problema de heterogeneidad de varianzas entre ambientes puede abordarse mejor con el modelo SREG.

Como se explicaba en el caso de la gráfica del modelo SHMM₁, para el modelo SREG₁ también se puede graficar el conjunto de líneas de regresión

para cada genotipo en las ordenadas, y los valores de $\hat{\gamma}_{j1}$ (μ_j) en las abscisas. Los valores predichos del modelo se conectan para cada genotipo con líneas rectas que se van quebrando pero que no se entrecruzan si los valores $\hat{\gamma}_{j1}$ son del mismo signo; en cambio, si los valores de $\hat{\gamma}_{j1}$ son de diferente signo, se cruzarán en uno o varios puntos.

Para más de dos ambientes, el modelo $SREG_1$ es menos parsimonioso que el modelo $SHMM_1$, o sea que contiene más parámetros independientes, por lo que $RSS(SREG_1) < RSS(SHMM_1)$. Esto hace que emplear $RSS(SREG_1)$ como medida de distancia para agrupar ambientes, resulte en la formación de grupos de ambientes satisfactorios para $SREG_1$, pero no adecuados para $SHMM_1$, o sea que $SREG_1$ tiene la tendencia a formar grupos de ambientes sin IO más grandes que $SHMM_1$. Recuérdese que para dos ambientes el modelo $SREG_1$ es una reparametrización del modelo $SHMM_1$, por lo que para este caso $RSS(SREG_1) = RSS(SHMM_1)$. Además, los dendogramas obtenidos con $SREG_1$ y los obtenidos con $SHMM_1$ son exactamente iguales, con la ventaja adicional de una mayor simplicidad computacional del modelo $SREG_1$.

Cuando se agrupan ambientes homogéneos con $SHMM_1$, se emplea un error combinado de todos los ambientes, sin considerar la casi segura heterogeneidad de la varianza de los errores individuales de cada ambiente. Una forma de solucionar este problema sería efectuar un análisis $SHMM$ ponderado por la varianza dentro de ambiente, de tal forma que se obtengan soluciones mínimo cuadradas ponderadas. Sin embargo, esto no es computacionalmente trivial y se ha optado por transformar los datos usando el inverso del error estándar de la media de genotipos en cada ambiente. La pregunta es si ¿siguen siendo ambos modelos, $SREG_1$ y $SHMM_1$, usando los datos transformados de esta manera los mismos modelos, $SREG_1$ y $SHMM_1$, cuando los datos son destransformados? O sea, ¿son los modelos $SREG_1$ y $SHMM_1$ usando los datos transformados de esta manera un equivalente a las soluciones de $SREG_1$ y $SHMM_1$ con mínimos cuadrados ponderados?

Los valores transformados de cada celda de la tabla de dos entradas de g genotipos en e ambientes, \bar{y}_{ij} , pueden expresarse como $\bar{x}_{ij} = \bar{y}_{ij} \left(\frac{\sqrt{r}}{\hat{\sigma}_j} \right)$ donde $\hat{\sigma}_j$

es el estimador de la raíz cuadrada de la varianza del error experimental en el j -ésimo ambiente y r el número de repeticiones. De esta manera, el modelo SHMM₁ de los datos transformados puede expresarse como

$$\bar{x}_{ij} = \beta_x + \lambda_x \alpha_{xi} \gamma_{xj} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

y el modelo SREG₁ de los datos transformados como

$$\bar{x}_{ij} = \mu_{xj} + \lambda_x \alpha_{xi} \gamma_{xj} + \bar{\varepsilon}_{ij} .$$

Para cualquiera de los dos modelos, la destransformación del valor predicho del

promedio de la celda, \hat{x}_{ij} , a la unidad de escala original será de $\hat{y}_{ij} = \left(\frac{\hat{\sigma}_j}{\sqrt{r}} \right) \bar{x}_{ij}$.

Crossa y Comelius (1997) muestran que la destransformación del modelo SREG₁ que se usó con los datos transformados es también un modelo SREG₁, lo que indica que el modelo SREG₁ usado con los datos transformados de esta manera es equivalente a un modelo SREG₁ con una solución de mínimos cuadrados ponderados. Sin embargo, la forma del modelo SHMM₁ para los datos destransformados no es un modelo SHMM₁, puesto que el intercepto $\hat{\beta}_j$ no es el mismo para cada ambiente como lo es en el modelo SHMM. Por lo tanto, el análisis SHMM usando los datos transformados de esta manera no es equivalente al análisis SHMM con solución de mínimos cuadrados ponderados, que en la escala original sería el apropiado para solucionar el problema de la heterogeneidad de la varianza dentro de cada ambiente. Sin embargo, se cree que es poco probable que el análisis SHMM ponderado efectuado sobre los datos originales sea más sensitivo a la interacción de IO que el análisis SHMM efectuado sobre los datos transformados.

Ilustración del uso de los Modelos SHMM y SREG para la agrupación de ambientes con interacción no opuesta de genotipos

Los datos usados provienen de un ensayo del CIMMYT de 9 genotipos de maíz evaluados en 20 ambientes en un diseño de bloques completos al azar con 4 repeticiones. Estos datos han sido usados por los autores en repetidas ocasiones y en varias publicaciones (Cornelius et al., 1992; Cornelius et al. 1996).

El análisis del modelo SHMM en datos no transformados y usando cuatro pruebas estadísticas diferentes muestra (Cornelius et., 1996) que los tres primeros componentes multiplicativos son diferentes de cero. Para el análisis del modelo SREG, dos pruebas indican que los primeros tres componentes multiplicativos son significativamente diferentes de cero. Una de las pruebas indica que los dos primeros componentes son significativos, mientras que otra prueba indica que solamente el primer componente es diferente de cero. Esto significa que cuando se ajusta el modelo SHMM₁, las líneas rectas que unen los valores predichos de cada genotipo en cada ambiente deben cruzarse en un punto de concurrencia (intersección), de tal forma que el modelo predice un cambio completo de ordenamiento de genotipos en los ambientes con efectos primarios de ambientes de signo contrario. Esto se observa en la Figura 1, donde tres ambientes tienen valores de $\hat{\gamma}_{j1} < 0$ y el resto, valores de $\hat{\gamma}_{j1} > 0$.

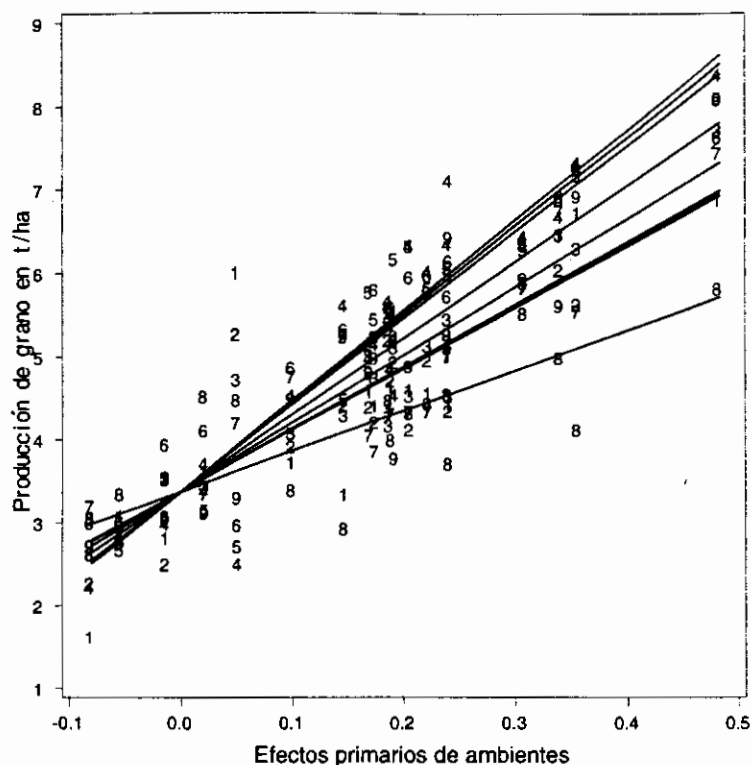


Figura 1. Modelo SHMM₁ ajustado a 9 genotipos y 20 ambientes ($\hat{\beta} = 3.4$). Los puntos graficados son los promedios fenotípicos y las líneas rectas son los efectos primarios de los 9 genotipos.

El genotipo 8 es el peor en el ambiente con efecto primario positivo más grande, pero fue el mejor en el ambiente extremo opuesto con efecto primario negativo más grande. Como la correlación entre efectos de ambientes y promedio de ambiente es muy alta, se puede decir que el genotipo 8 es bueno en condiciones desfavorables de producción pero no responde en ambientes favorables.

Indudablemente, la IGA es complicada y un subagrupamiento de ambientes con el criterio de reunir ambientes con mínimo IO es apropiado. Lo primero que se debe hacer es usar la RSS(SHMM₁) como medida de distancia, junto con la estrategia de agrupamiento de máximo ligamiento, para conocer los grupos de ambientes más cercanos. Posteriormente, guiándose por las ramas del dendograma deben identificarse los grupos de ambientes para los cuales:

- 1) el modelo $SHMM_1$ es adecuado, y
- 2) los signos de los efectos primarios de ambientes son iguales. Si tienen signo contrario, entonces debe usarse una solución $SHMM_1$ restringida del tipo LS o SVD que fuerce los signos de los efectos primarios de ambientes a que sean iguales con uno de ellos igual a cero.

En la Figura 2 se muestra el dendrograma de 20 ambientes en el que se emplea la medida de distancia $RSS(SHMM_1)$ con la estrategia de agrupamiento de máximo ligamiento. La partición dicotómica sugerida por Crossa et al. (1993) para identificar grupos de ambientes con INO para genotipos consiste en ajustar el modelo $SHMM_1$ sucesivamente en el árbol formado por la estrategia de agrupamiento. Así, primero se ajusta el modelo $SHMM_1$ a cada uno de los dos grandes grupos de ambientes formados por $\{1,3,8,10\}$ y $\{2,4,5,6,7,9,11,12,13,14,15,16,17,18,19,20\}$. Como $SHMM_1$ no es un modelo aceptable para ninguno de los dos grupos, seguimos recorriendo el árbol de clasificación de tal manera que actualmente probamos el modelo $SHMM_1$ en tres grupos $\{1,3,10\}$, $\{2,6,9,12,13,18\}$ y $\{4,5,7,11,14,15,16,17,19,20\}$. El modelo $SHMM_1$ es adecuado para el grupo $\{1,3,10\}$, por lo que se concluye que el ambiente 8 es diferente, y queda como un grupo aislado. De manera similar, $SHMM_1$ es un modelo apropiado para el grupo $\{2,6,9,12,13,18\}$, por lo que para este grupo de ambientes la respuesta de los 9 genotipos es congruente. Para el grupo $\{4,5,7,11,14,15,16,17,19,20\}$ $SHMM_1$ no fue adecuado, pero sí el modelo $SREG_1$.

En ninguno de los casos de la búsqueda dicotómica fue necesario calcular una solución restringida, ya sea del modelo $SHMM_1$ o de $SREG_1$, dado que siempre para los mejores modelos los valores de los efectos primarios de ambientes fueron todos del mismo signo. Esto no quiere decir que todos los posibles pares de ambientes no requieran de solución restringida; en general, para todos los conjuntos de datos, un número considerable de pares de ambientes siempre requieren de solución restringida.

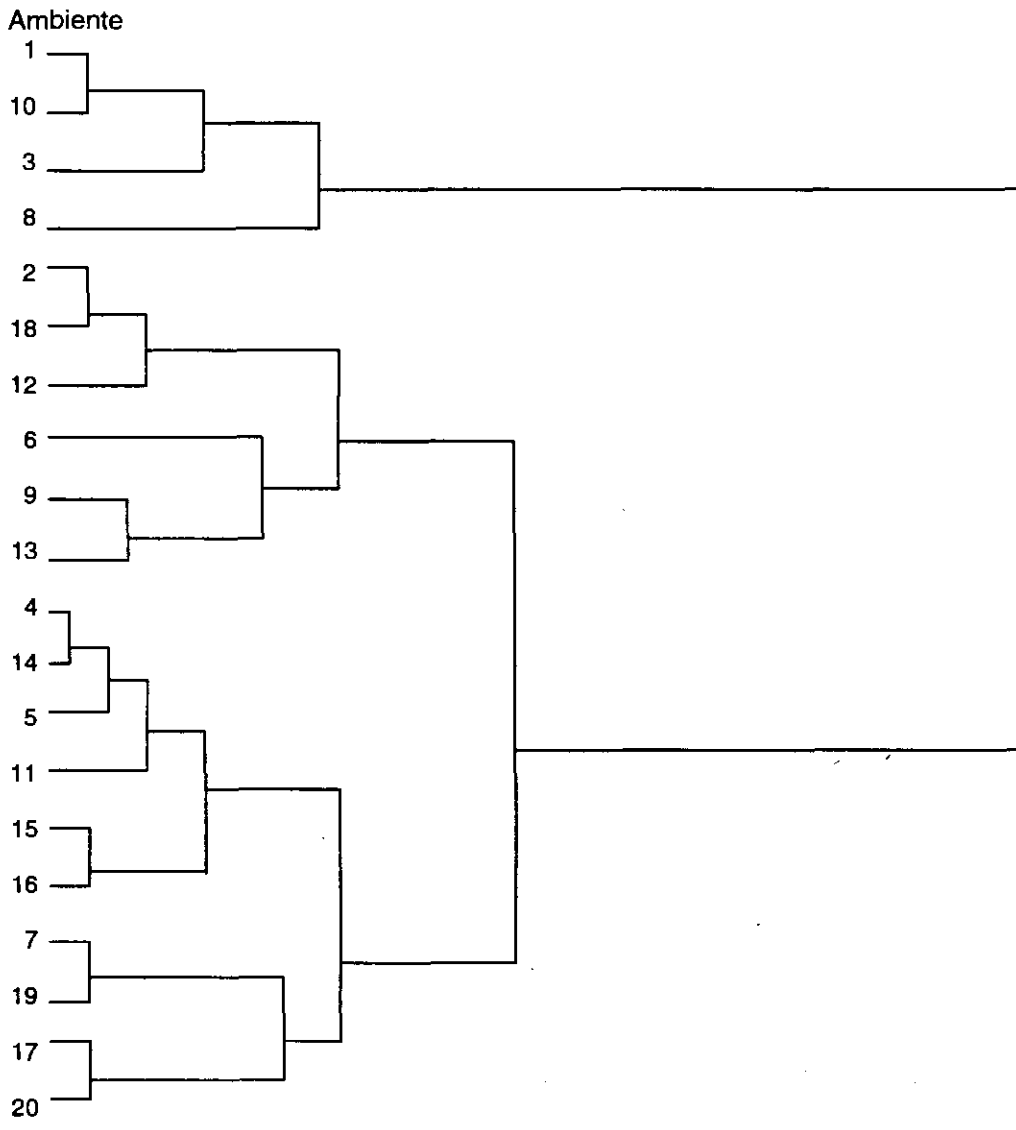


Figura 2. Dendrograma de 20 ambientes usando $RSS(SHMM,)$ como criterio de distancia.

En la Figura 3 observamos la respuesta congruente de los 9 genotipos en el subgrupo de 10 ambientes cuando se ajusta el modelo $SREG_1$ y se grafican los valores fenotípicos y los valores predichos contra el promedio de cada ambiente. Se observan las líneas quebradas para cada genotipo en los diferentes ambientes. La $RSS(SHMM_1)=14006110$ mientras que el $RSS(SREG_1) = 9795021$.

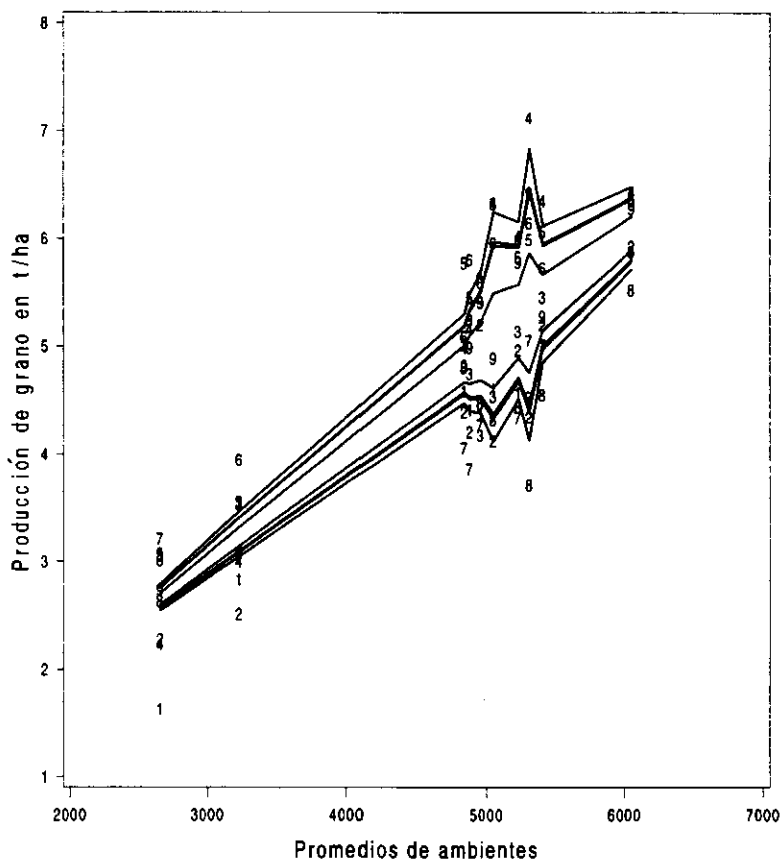


Figura 3. Modelo $SREG_1$ ajustado a 9 genotipos y 10 ambientes.

Estos resultados concuerdan con los encontrados por Crossa et al. (1996) en el sentido de que el modelo $SREG_1$ tiene una $RSS(SREG_1) < RSS(SHMM_1)$ y, por lo tanto, encuentra grupos de ambientes que eventualmente no son satisfactorios para el modelo $SHMM_1$.

Para los tres grupos finales de ambientes de genotipos identificados, con INO, no fue necesario calcular soluciones restringidas de los modelos SHMM₁ y SREG₁, dado que los signos de los efectos primarios fueron todos iguales. Sin embargo, existen siempre pares de ambientes que requieren soluciones restringidas para los modelos. Por ejemplo, en el Cuadro 1 observamos, de $(10 \times 9)/2 = 45$ posibles pares de ambientes, aquellos pares con los 10 valores de RSS(SHMM₁) más altos para los casos de las restricciones del tipo LS y del tipo SVD.

Cuadro 1. Distancias [RSS(SHMM₁)] convertidas a cuadrados medios [RMS(SHMM₁)] y ordenadas para los 10 pares de ambientes con mayor distancia. Los grados de libertad del residual para la solución no restringida son el número de genotipos menos dos, y para la solución restringida es el número de genotipos menos uno.

Pares de ambientes		Grados de libertad	Cuadrado medio residual
----- Solución de mínimos cuadrados (LS) -----			
5	8	8	534929.83
3	4	8	538867.47
8	17	8	546730.47
8	12	8	621562.28
3	11	8	630314.30
4	8	8	636836.50
8	15	8	1118858.50
8	13	8	1197429.00
8	18	8	1278760.50
8	11	8	1697992.90
----- Solución de la descomposición del valor singular (SVD) -----			
3	17	7	445676.58
15	18	7	473768.72
4	8	8	474787.63
3	8	7	486411.11
3	15	7	491284.81
8	12	8	600516.22
8	15	8	809543.62
8	18	8	861644.18
8	13	8	1137120.80
8	11	8	1327651.00

En el Cuadro 1 se observa que el ambiente 8 es el que tiene distancias más grandes con muchos otros ambientes, y muestra que es un ambiente diferente a muchos. Esto era de esperarse, dado que en el árbol de clasificación con la partición dicotómica el ambiente 8 había quedado aislado.

En realidad existen muchos pares de ambientes para los cuales $SHMM_1$ es un modelo adecuado pero en el que la solución restringida obtenida por LS o SVD es de menor magnitud que las que se muestran en el Cuadro 1. Estas soluciones LS, como se mostró anteriormente, son cerradas pues no se necesita un proceso iterativo para su cálculo. Como también se mencionó antes, esto no es así cuando se requieren soluciones restringidas para más de un ambiente (o genotipos) tanto de la forma LS como SVD. Por ejemplo, el par de ambientes 5 y 19 requieren de una solución restringida y tienen una distancia de 268012 (un poco menor que las mostradas en el Cuadro 1). La gráfica de los genotipos en los ambientes 5 y 19 para el caso de la solución $SHMM_1$ no restringida se

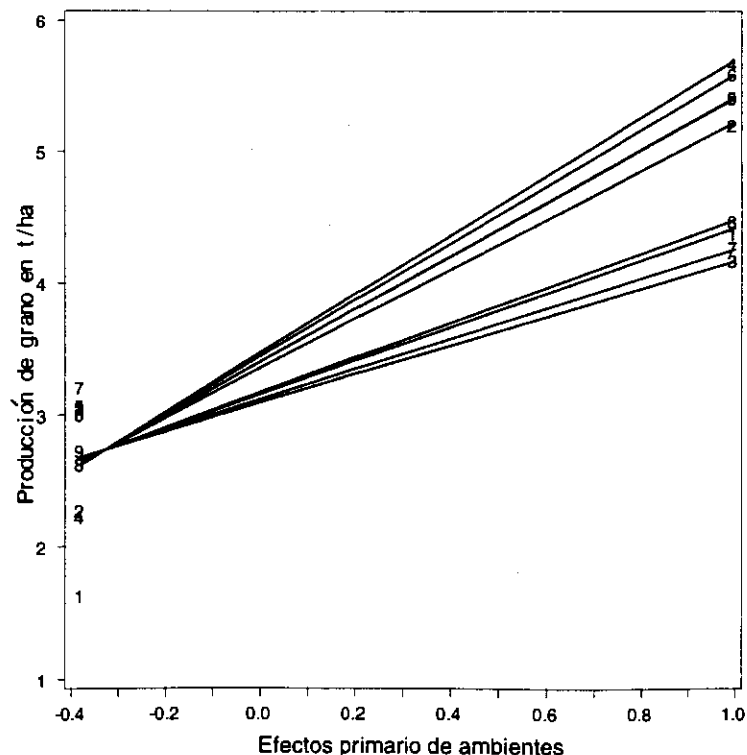


Figura 4. Modelo $SHMM_1$ para 9 genotipos y 2 ambientes con solución no restringida.

muestran en la Figura 4. La gráfica para la solución restringida (Figura 5) se parece mucho a ésta pero el ambiente de la izquierda en la Figura 4 que tenía efecto primario con valor negativo ahora lo tiene igual a cero.

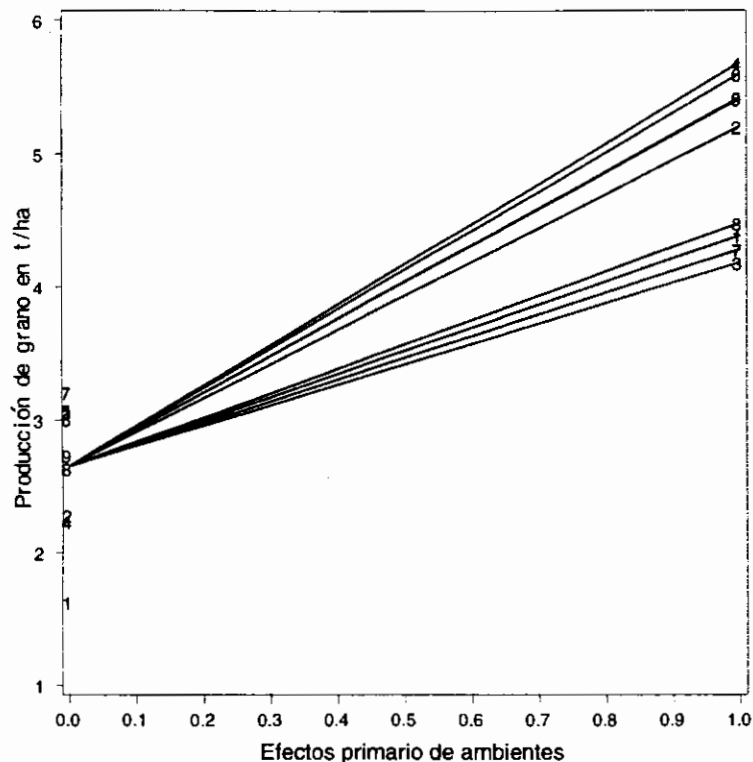


Figura 5. Modelo SHMM₁ para 9 genotipos y 2 ambientes con solución restringida.

Mediante el uso de los modelos estadísticos multiplicativos SHMM y SREG, junto con otras técnicas estadísticas, es posible separar la IGA total en INO e IO. Los subgrupos de ambientes y/o genotipos así obtenidos tratan de capturar la mayor variabilidad debida a INO en el primer componente multiplicativo; la variabilidad debida a la IO es retenida en los componentes multiplicativos segundo, tercero, etc. Osman et al. (1997) aplicó SHMM para agrupar ambientes y genotipos en un ensayo internacional de trigos duros y encontró que grupos de genotipos con INO tenían *background* genéticos similares, pero que genotipos de grupos diferentes tenían diferencias en genes simples relacionados con resistencia a ciertas enfermedades. A su vez, los grupos homogéneos de ambientes tenían características climáticas similares.

Los programas de cómputo para realizar estos análisis son IML SAS y Fortran EIGAOV. El programa EIGAOV es muy completo y útil para realizar análisis de todos los modelos multiplicativos que aquí se mencionan, así como para calcular las soluciones LS y SVD no restringidas, y restringidas de SHMM y SREG, así como el uso de por lo menos 4 experimentos estadísticos para probar la significancia de los componentes multiplicativos. Con el programa EIGAOV pueden realizarse otros análisis de estabilidad y calcular los valores predichos de los cinco modelos multiplicativos mencionados con sus estimadores encogidos, así como los valores predichos de los cinco modelos multiplicativos truncados a un número arbitrario de componentes multiplicativos. Asimismo, con EIGAOV se calcula el PRESS, que es la suma de cuadrado de la diferencia entre el valor predicho y el observado cuando un valor es omitido de los datos; los mejores modelos de predicción son los modelos con PRESS más chicos.

REFERENCIAS

- Bradu, D. y K.R. Gabriel. 1978. The biplot as a diagnostic tool for models of two-way tables. *Technometrics* 20:47-68.
- Cornelius, P.L., M. Seyedsadr y J. Crossa. 1992. Using the shifted multiplicative model to search for "separability" in crop cultivar trials. *Theoretical and Applied Genetics* 84:161-172.
- Cornelius, P.L. 1993. Statistical tests and retention of terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trials. *Crop Science* 33:1186-1193.
- Cornelius, P.L., J. Crossa y M. Seyedsadr. 1993a. Test and estimators of multiplicative models for variety trials. *Proceedings of the 5th Annual Kansas State University Conference on Applied Statistics in Agriculture*, Manhattan, Kansas.
- Cornelius, P.L., D.A. Van Sanford y M. Seyedsadr. 1993b. Clustering cultivars into groups without rank-change interactions. *Crop Science* 33:1193-1200.
- Cornelius, P.L. y J. Crossa. 1995. Shrinkage estimators of multiplicative models for cultivar trials. Technical Report No. 352. Department of Statistics. University of Kentucky, Lexington, Kentucky, USA.
- Cornelius, P.L., J. Crossa y M. Seyedsadr. 1996. Statistical tests and estimators for multiplicative models for cultivar trials. In Kang, M.S., and Gauch, H.G., Jr., (Eds.), *Genotype-by-Environment Interaction*. Boca Raton: CRC Press, pp. 199-234.
- Cornelius, P.L. y M. Seyedsard. 1997. Estimation of general linear-bilinear models for two-way tables. *Journal of Statistical Computation and Simulation* 58: 287-322.
- Cornelius, P.L. y J. Crossa. 1999. Prediction assessment of shrinkage estimators of multiplicative models for multi-environments cultivar trials. *Crop Science*. 39:998-1009.

- Crossa, J., P.L. Cornelius, M. Seyedsadr y P. Byrne. 1993. A shifted multiplicative model cluster analysis for grouping environments without genotypic rank-change. *Theoretical and Applied Genetics* 85:577-586.
- Crossa, J. y P.L. Cornelius. 1993. Recent developments in multiplicative models for cultivar trials. In: Buxton, D.R., et al. (Eds.) *International Crop Science I*. Crop Science Society of America Madison, Wisconsin.
- Crossa, J., P.L. Cornelius, K. Sayre, I.J. Ortiz-Monasterio Z. 1995. A shifted multiplicative model fusion method for grouping environments without cultivar rank change. *Crop Science* 35:54-62.
- Crossa, J., P.L. Cornelius y M. Seyedsadr. 1996. Using the shifted multiplicative model cluster methods for crossover genotype-by-environment interaction. In Kang, M.S. y Gauch, H.G., Jr., (Eds.), *Genotype-by-Environment Interaction*. Boca Raton: CRC Press, pp. 175-198.
- Crossa, J. y P.L. Cornelius. 1997. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trials sites under heterogeneity of error variance. *Crop Science* 37: 405-415.
- Crossa, J., M. Vargas, F. van Eeuwijk, C. Jiang, G. Edmeades y D. Hoisington. 1999. Interpreting genotype x environment interaction using molecular markers and environmental covariables. *Theoretical and Applied Genetics*. 99:611-625.
- Denis, J-B. 1988. Two-way analysis using covariates. *Statistics*. 19:123-132.
- Eberhart, S.A. y W.A. Russell. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science* 6:36-40.
- Finlay, K.W. y G.N. Wilkinson. 1963. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Australian Journal of Agriculture Research* 14:742-754.
- Gabriel, K.R. 1978. Least squares approximation of matrices by additive and multiplicative models. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 40:186-196.
- Gregorius H-R., G. Namkoong. 1986. Joint analysis of genotypic and environmental effects. *Theoretical and Applied Genetics* 12:413-422.

- Osman, A., J. Crossa y P.L. Cornelius. Results and biological interpretation of shifted multiplicative model clustering of durum wheat cultivars and test sites. *Crop Science* 37:88-97.
- Seyedsadr, M. y P.L. Cornelius. 1992. Shifted multiplicative model for nonadditive two-way tables. *Communications in Statistics B. Simulation and Computation* 21:807-822.
- Vargas, M., J. Crossa, K. Sayre y M. Reynolds, M.E. Ramirez y M. Talbot. 1998. Interpreting genotype \times environment interaction in wheat using partial least squares regression. *Crop Science* 38:679-689.
- Vargas, M., J. Crossa, F. A. van Eeuwijk, M.E. Ramirez y K. Sayre. 1999. Using partial least squares, factorial regression and AMMI models for interpreting genotype \times environment interaction. *Crop Science* 39:955-967.
- Tukey, J.W. 1949. One degree of freedom for non-additivity. *Biometrics* 5:232-242.



CIMMYT.

**CENTRO INTERNACIONAL DE MEJORAMIENTO
DE MAÍZ Y TRIGO**