

MÉTODOS ESTADÍSTICOS MULTIVARIADOS EN EL ESTUDIO DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO AMBIENTE EN CAÑA DE AZÚCAR

Reynaldo Rodríguez Gross, Yaquelin Puchades Isaguirre, Norge Bernal Liranza, Héctor Jorge Suárez, Héctor García Pérez

Estación Territorial de Investigaciones de la Caña de Azúcar Oriente Sur
reynaldo@etica.ciges.inf.cu

RESUMEN

La interacción genotipo-ambiente (IGA) es un importante componente de los programas de mejoramiento genético de plantas dedicados al desarrollo de nuevos cultivares. El objetivo del presente trabajo fue aplicar diferentes métodos estadísticos multivariados como el Análisis de Coordenadas Principales (ACA), modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) y el análisis de regresión de sitios (GGE), para comparar su utilidad y eficiencia en el estudio de la IGA y la estabilidad fenotípica en cultivares de caña de azúcar. Los datos analizados corresponden a cuatro estudios multiambientales conducidos en la región sur oriental de Cuba, con 15 cultivares de caña de azúcar, sobre la variable tonelada de caña.ha⁻¹. Se encontró predominio del efecto ambiental en la varianza total (65.2 %), seguido de la IGA (25.8 %). El análisis de cluster sugirió agrupamiento de las localidades, diferenciándose unas de otras, sin embargo, la agrupación realizada por el modelo GGE generó tres ambientes. Resultados similares mostraron los modelos AMMI y GGE en la descripción del patrón de comportamiento de la IGA y la estabilidad fenotípica de los cultivares, correspondiendo la mayor extracción de la varianza al *biplot* GGE₂ (77.0 %), seguido del *biplot* AMMI₁ (50.2 %). Al comparar los resultados de estos dos modelos con el análisis de ACA, no se encontró total coincidencia en sus resultados, por lo que los dos primeros resultaron más adecuados.

Palabras claves: Caña de azúcar, métodos estadísticos multivariados, interacción genotipo ambiente

ABSTRACT

The objective of this paper was to apply different multivariate statistical analysis, (cluster analysis, model of main effects additives and multiplicative interaction (AMMI), regression analysis of sites (GGE) and principal coordinates analysis (ACA)), to compare their utility and efficiency in the study of the genotype-environment interaction (GE) in sugarcane cultivars. Performance data of eighteen cultivars evaluated at four locations, in the Eastern South region of Cuba, was used in this study. The experimental design used in each trial was a randomized complete block. The evaluated variable was tons of cane per hectare. Analysis of variance showed that effects of genotype, environment and GE were highly significant. Cluster analysis discriminated between four locations, while the GGE method only generated three groups of environments. The *biplot* indicated that there were similar results between the AMMI and GGE model. The scatter point diagrams obtained from ACA analysis, however, revealed only limited agreement with the results obtained by the AMMI and GGE model. The G+GE captured by AMMI (50.2 %) and GGE (77.0 %) were both more adequate than ACA analysis in quantifying environment and genotype effects.

KEYWORDS: Sugarcane, multivariate statistical analysis, genotype-environment interaction.

INTRODUCCIÓN

La respuesta diferencial de un genotipo o cultivar a través de diferentes ambientes, es definido como interacción genotipo-ambiente (IGA). Los principales propósitos de los estudios de IGA se centran en identificar cultivares con altos rendimientos para una región dada, determinar las localidades que mejor la representen (Yan *et al.* 2001), así como, estimar la estabilidad de los genotipos a través de los ambientes antes de ser liberados a la producción comercial. Al respecto, Estrada y Martínez (2003) indican que con metodologías apropiadas de estadística y de mejoramiento, es posible entender las causas de la IGA. Asimismo, la efectividad de los análisis estadísticos aplicados a estos estudios pueden ayudar a los genetistas a alcanzar mejores y más rápidos resultados (Gauch, 2008). Por el contrario, una baja eficiencia en el análisis de la IGA representa un problema para los mejoradores, porque reduce la precisión de la selección de un ambiente a otro (Lavoranti, 2003).

Entre las técnicas estadísticas multivariadas se encuentran el análisis de componentes principales (ACP), análisis de agrupamiento (cluster), análisis factorial de correspondencia (Lavoranti, 2003) y el análisis de coordenadas principales (ACA) (Westcott, 1987). Otros métodos también empleados son los modelos de efectos principales aditivos e interacciones multiplicativas (AMMI) (Gauch, 2006) y el modelo de efecto principal del genotipo y efectos de interacción genotipo-ambiente (GGE) desarrollado por Yan *et al.* (2000). El análisis de coordenadas principales es una generalización del ACP, en el que puede usarse cualquier medida de similitud entre los individuos (Ibáñez y col, 2001 y Martín, 2004). En caña de azúcar se ha empleado con éxito en el estudio de la estabilidad fenotípica de nuevos cultivares (García, 2004). Por su parte, los modelos AMMI han sido extensamente aplicados en diferentes cultivos (Ibáñez y col, 2001; Gauch, 2006; Glaz y Kang, 2008).

Estos modelos combinan el análisis de varianza regular para los efectos principales aditivos, con el ACP para la estructura multiplicativa de la interacción, y no sólo permite estimar estabilidad, sino también, evaluar localidades y como consecuencia clasificar ambientes, con una salida gráfica bidimensional (*biplot*) de genotipos y ambientes (Gauch, 2008).

El objetivo del presente trabajo fue aplicar diferentes métodos estadísticos multivariados y comparar su utilidad y eficiencia en el estudio de la interacción genotipo ambiente y la estabilidad fenotípica en cultivares de caña de azúcar estudiadas en diferentes ambientes en la región sur oriental de Cuba.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se utilizaron los datos correspondientes a la cosecha de caña planta de un estudio multiambiental conducido en el sur de la región oriental de Cuba, donde se incluyeron 18 cultivares de caña de azúcar liberados por el Instituto Nacional de Investigaciones de la Caña de Azúcar en los últimos 10 años en cuatro localidades. Los genotipos utilizados se exponen en la tabla 1.

Tabla 1. Genotipos utilizados en los experimentos

Código	Cultivar	Origen	Código	Cultivar	Origen
G1	B7274	Barbados	G10	C89-250	Cuba
G2	C128-83	Cuba	G11	C89-559	Cuba
G3	C323-68	Cuba	G12	C90-317	Cuba
G4	C86-12	Cuba	G13	C90-501	Cuba
G5	C86-156	Cuba	G14	C90-530	Cuba
G6	C86-503	Cuba	G15	C90-647	Cuba
G7	C86-531	Cuba	G16	C91-356	Cuba
G8	C87-632	Cuba	G17	C92-325	Cuba
G9	C88-380	Cuba	G18	CP52-43	Estados Unidos

Los experimentos fueron plantados con un diseño de bloques completamente aleatorizados, en parcelas de 48 m² con tres repeticiones. Su evaluación fue conducida según las Normas Metodológicas del Departamento de Fitomejoramiento del INICA (Jorge et al. 2002). La variable evaluada fue el rendimiento agrícola expresado en t caña.ha⁻¹. Las localidades y características de los estudios se presentan en la tabla 2.

Tabla 2. Principales características de las localidades empleadas

Provincia	Localidad	Suelos*	Precipitaciones (mm)	Temperaturas media (°C)
Santiago de Cuba	Paquito Rosales (PR)	Pardo Sialítico	1156,7	25.5
Santiago de Cuba	Julio A. Mella (ME)	Ferralítico Amarrillento	1031,1	25.5
Granma	Enidio Días (ED)	Húmico Rendzina Roja	1130,4	26.2
Guantánamo	Manuel Tames (MT)	Pardo Sialítico		25.2

* Hernández et al. (1999)

Análisis estadístico

Los datos originales fueron comprobados de acuerdo a su normalidad y homogeneidad de varianza, mediante pruebas de Chi cuadrado y Bartlett-Box F. Se realizó un análisis de varianza de clasificación doble, tomando como factores los cultivares y las localidades (ambas como efectos

aleatorios), para conocer su influencia en la varianza genética, la de los factores ambientales y su interacción. Con los efectos de la IGA se realizaron los análisis estadísticos multivariados de IGA y estabilidad fenotípica los que son descriptos a continuación.

Modelo AMMI

Los modelos AMMI combinan los análisis de varianza para los efectos principales aditivos y la descomposición en valores y valores singulares (DVS), para los parámetros multiplicativos. En este contexto se considera la IGA un diseño bifactorial de genotipos y ambientes (Gauch, 2006).

Se llamará modelo AMMI a la expresión: $AMMI_M : E(y_{ij}) = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{m=1}^M \lambda_m u_{m_i} v_{m_j} + e_{ij}$

Donde: y_{ij} : observación correspondiente a la combinación de niveles ij ; μ : media general, α_i : efecto del de genotipo i ; β_j : efecto del ambiente j ; α_i, β_j : efectos principales de para genotipos y ambientes respectivamente; λ_m : corresponde al valor singular de orden m ; u_{m_i} : coordenada i -ésima del vector singular asociado a λ_m ; v_{m_j} : coordenada j -ésima del vector singular asociado a λ_m ; e_{ij} : residuo.

A partir de este modelo, se construyó el *biplot* AMMI₁ en que se representa en el eje de las abscisas los efectos aditivos (media de genotipos y ambientes y la media general) y en el eje de las ordenas los valores de los “marcadores” de genotipos y ambientes de la componente 1 (CP1).

Modelo de regresión de sitios (GGE)

Es prácticamente el mismo que el modelo anterior, sólo que los efectos principales de los genotipos, que en el modelo AMMI se estiman como efectos aditivos, en este modelo se envían al residual para modelarlo de forma multivariada mediante el DVS junto con la interacción (Yan *et al.* 2000).

$$E(y_{ijk}) = \mu + \beta_j + \varphi + e_{ij} \quad \text{Donde: } \varphi = y_{ij} - \mu - \beta_j = \sum_{m=1}^M \lambda_m u_{m_i} v_{m_j}$$

A partir de la DVS de Φ se obtiene el *biplot* GGE en la que van a ser ploteados los marcadores de genotipos y ambientes.

Análisis de Coordenadas Principales

Consiste en medir el grado de similitud (Si) entre dos genotipos (a,b) en un ambiente mediante el modelo: $Si(a,b) = [Hi - (ai + bi) / 2] / (Hi - Li)$. Donde Hi es el valor medio máximo de un genotipo en

el ambiente i ; L_i es el valor medio mínimo de un genotipo en el ambiente i ; a_i y b_i son los valores promedios de los genotipos a y b en el ambiente i (Westcott, 1987). Para más de un ambiente, la similitud entre dos genotipos es su similitud promedio en dichos ambientes. A partir de la matriz de distancias entre individuos, se realiza el análisis de coordenadas principales el cual permite generar un gráfico bidimensional con las dos primeras coordenadas. Los genotipos más estables son aquellos que tienen altos rendimientos y se encuentra alejados del centro del gráfico a través de los diferentes análisis iterativos que se realizan según sus índices ambientales de forma ascendente (el menor, los dos menores, etc.) y descendente (el mayor, los dos mayores, etc.).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Análisis de varianza

El análisis de varianza (tabla 2) detectó diferencias significativas en genotipos, ambientes (localidades), y en su interacción (IGA). Del total de la suma de cuadrados, 65.2 % corresponde a la varianza ambiental. La varianza genética fue relativamente baja (9 % de la varianza fenotípica total); por su parte, el valor de la varianza de la IGA fue superior a la de los genotipos (25.8 %).

Tabla 2. Análisis de varianza factorial y estimados de los componentes de varianza.

Fuente de variación	G.L.	Cuadros medios	Componente de varianza (σ^2)	Contribución a la σ^2 total (%)
Genotipo	17	813.9 **	2.8 \pm 110.4	9,0
Localidad	3	30345.6 **	547.5 \pm 371.2	59,1
Int. _{GxL}	51	780.6 **	238,3 \pm 50.8 *	25,8
Error	144	65.6	65,6 \pm 29.5	6,1
VA			613.1	65.2

* = significativo a $p < 0.05$; ** = significativo a $p < 0.01$ VA = varianza ambiental

En Cuba, numerosos trabajos revelan una elevada proporción del componente ambiental en el rendimiento agrícola y la importancia de la replicación de los estudios en tiempo y espacio para explotar de manera conveniente la IGA existente (García, 2004). Estos autores demuestran que los genotipos estudiados presentaron un comportamiento no uniforme a través del conjunto de ambientes en que fueron probados, lo cual puede ser debido a la influencia de factores edafoclimáticos y de manejo.

Análisis de los modelos AMMI y GGE

Al realizar la descomposición en valores y vectores singulares de la matriz de IGA, se obtuvo que el primer componente extrajo el 50.2 % de la varianza contenida en esta interacción, por lo es

necesaria la elección de un solo término multiplicativo del modelo AMMI para explicar el patrón de comportamiento de los datos (Gauch, 2006) y confeccionar el *biplot* AMMI₁ (figura 1), obtenido de los efectos principales de genotipos y ambientes, la media general y el primer término multiplicativo del modelo AMMI (CP₁). En esta figura se observa que la localidad Enidio Díaz (ED) presenta la media más alta, con interacción positiva del cultivar G14 (C90-530), adaptándose muy bien a esta localidad. Por el contrario, la localidad Paquito Rosales (PR) presentó los rendimientos más bajos. También, se pueden observar los genotipos más estables, es decir, bajos valores de los marcadores en la CP₁ y con medias altas. En este caso resultaron ser: G5 (C86-156), G9 (C88-380) y G4 (C86-12) que son los genotipos ideales en los programas de mejoramiento. Observe además, otros cultivares estables en su rendimientos como la G7 (C86-531) y G1 (B7274), pero con medias inferiores a las primeras.

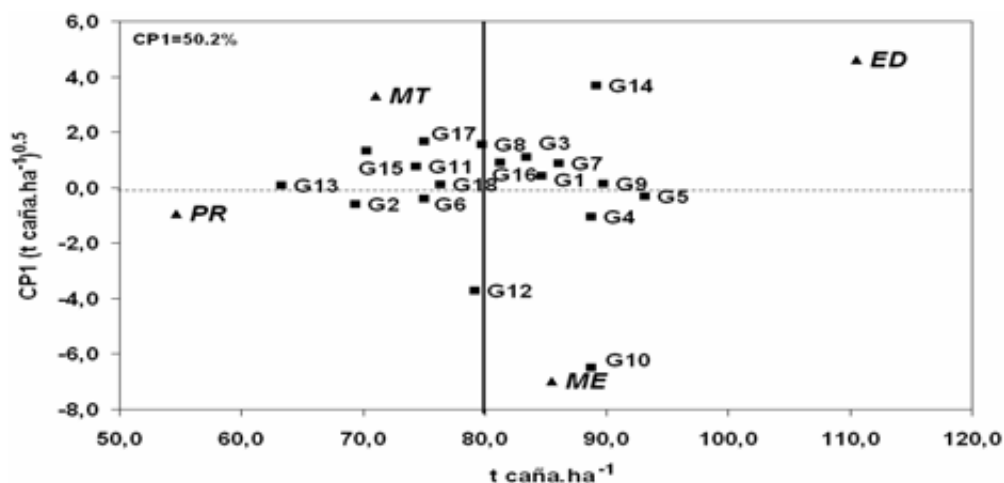


Figura 1. *Biplot* AMMI₁ de los efectos principales aditivos (media de genotipos y ambientes y la media general) y los valores de los marcadores de genotipos (■) y ambientes (▲) en la CP₁

Por su parte, el modelo GGE (figura 2a) extrae el 77 % de la varianza contenida en el efecto de los genotipos más la IGA. En este tipo de *biplot*, al conformar una poligonal con los genotipos más distantes del origen del gráfico, donde el resto de los cultivares estén contenidos en la misma, y además, trazar líneas perpendiculares a cada lado del polígono para formar grupos de localidades con comportamiento similar, se observa que las localidades de prueba quedaron agrupadas en tres zonas: (i) Enidio Díaz, (ii) Mella y Paquito Rosales y (iii) Manuel Tames. Asimismo, tal como lo reporta Yan y col, (2000), los genotipos de mejor comportamiento en cada localidad son aquellos que se encuentran el vértice del polígono, en este caso para localidad Enidio Díaz fue la G14

(C90-530), para la localidad Mella fue la G10 (C89-250) y G12 (C90-317) y en Manuel Tames el cultivar G17 (C92-325).

Esta figura evidencia una de las ventajas más atractivas de este *biplot*, que es la habilidad de agrupar las localidades en “macro ambientes” y de mostrar el patrón de comportamiento de los mejores cultivares para cada región tal como lo reporta Yan y Tinker, (2006). Glaz y Kang (2008), en un estudio en caña de azúcar de 17 genotipos y nueve localidades en el sur de la La Florida, utilizó el modelo GGE para clasificar las localidades de prueba, del programa de mejora, en cuanto a su capacidad de discriminación de genotipos y obtener información acerca de su semejanza o diferenciación en la manifestación de los mismos.

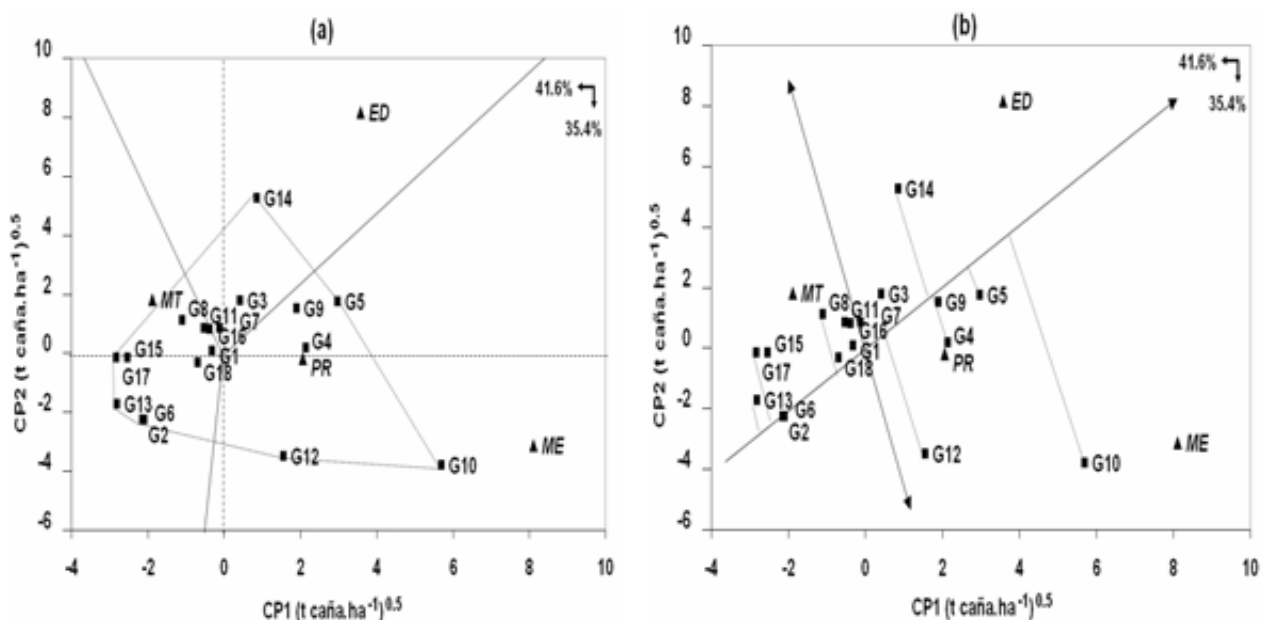


Figura 2. *Biplot* GGE (a) Comportamiento de los mejores genotipos (■) en cada ambiente (▲) y (b) Estabilidad de los genotipos

Por otra parte, al analizar la figura 2b, donde se ilustra el comportamiento medio de los genotipos (proyección de los genotipos sobre la flecha oblicua al eje de la abscisa) y su estabilidad (proyección de los genotipos sobre la doble flecha perpendicular a la oblicua) se obtienen similares resultados a los obtenidos por el *biplot* AMMI₁ de la figura 1. En tal sentido, Gauch (2008) señala que cada componente principal de los modelos AMMI, GGE y otros basados en la descomposición de valores y vectores propios son esencialmente equivalentes, y el mérito relativo de uno u otro método dependen del propósito de la investigación.

El propio autor destaca, que cuando se desea visualizar el patrón de comportamiento de los datos en un estudio multiambiental, el modelo AMMI es superior, debido a que el *biplot* AMMI₁ tiene una mayor y más simple información geométrica que el *biplot* GGE₂, y es capaz de visualizar los efectos principales del genotipo, el ambiente y la IGA. Sin embargo, Yan y col (2007) encontró superior el *biplot* GGE₂ para el análisis de los ambientes, poder de discriminación o de representatividad, así como, la propia evaluación de los genotipos debido a que el análisis conjunto del genotipo más la IGA extrae mayor cantidad de varianza contenida en los datos.

Como puede apreciarse en los dos tipos de *biplot*, los resultados obtenidos en la descripción de la IGA y la estabilidad genotípica son similares, aunque con diferencias en los porcentajes de extracción de la varianza (GGE₂>AMMI₁). Los análisis multivariados tales como AMMI y GGE, tienen una considerable habilidad para obtener un modelo rico en patrones (efectos repetibles de la IGA) separando un residual rico en ruido (efectos sin patrón definido no repetibles), por lo que se gana en precisión.

Análisis de Coordenadas Principales

En la figura 3, se muestra el comportamiento de la estabilidad de los genotipos en las dos primeras coordenadas principales a través de los cuatro ambientes. Este gráfico corresponde a los dos últimos análisis en cada ciclo (ascendente y descendente), debido a que los genotipos presentaron similar comportamiento en los dos primeros análisis.

Observe que en el ciclo ascendente (figura 3a) y para los cuatro ambientes analizados, los genotipos que más se alejan del centro del gráfico son: G5 (C86-156), G9 (C88-380) y el G4 (C86-12) por lo que son los más estables. Asimismo, aparecen alejados del centro y para los tres primeros análisis de este ciclo de bajos rendimientos, los cultivares G7 (C86-531), G1 (B7274), G10 (C89-250). En el caso de estos dos últimos cultivares, su respuesta no fue consistente en los dos primeros análisis, por lo que no se consideran estables. Por el contrario, el genotipo G7 (C86-531) si repitió su respuesta en todos los análisis de este ciclo, lo que indica su estabilidad en ambientes desfavorables de bajos rendimientos.

Al analizar el ciclo descendente (figura 3b), los genotipos que más se alejan del centro del gráfico en el último análisis de este ciclo, resultaron ser los mismos que en ciclo anterior. Sumado a este resultado, hay que señalar que el cultivar G14 (C90-530) se destacó en los tres primeros análisis de este ciclo, lo que indica su estabilidad en ambientes más favorables y de altos rendimientos. En ambos ciclos el genotipo centro fue G13 (C90-501). García (2004), al estudiar los cultivares G5

(C86-156) y G4 (C86-12) en cuatro localidades del centro de Cuba, reportó estabilidad de estos genotipos a los ciclos bajos (ascendente) y altos (descendente).

Al comparar los resultados obtenidos por el análisis de ACA con el modelo AMMI, respecto a la estabilidad de los cultivares G5 (C86-156), G9 (C88-380) y el G4 (C86-12), fueron muy similares. En el propio gráfico del modelo AMMI, se señala que el genotipo G7 (C86-531) también resultó estable, pero con rendimientos inferiores a los primeros. Este mismo genotipo se señala estable en el ciclo ascendente del ACA, es decir adaptado a los ambientes de bajos rendimientos. Para el caso del genotipo G14 (C90-530), los resultados encontrados en los modelo AMMI y GGE no coinciden con los alcanzados en el ACA, ya que este cultivar fue señalado como adaptable a la localidad Enidío Díaz.

En este sentido hay que señalar que los resultados obtenidos en estos dos tipos de biplot, de los modelos AMMI y GGE, sus son similares en la descripción de la I. GXA y la estabilidad fenotípica, aunque con diferencias en los porcentajes de extracción de la varianza (AMMI2>GGE>AMMI1). Asimismo, en la mayor parte de los caso el componente 1 del modelo AMMI correlaciona altamente con el componente 2 del modelos GGE (Gauch, 2006).

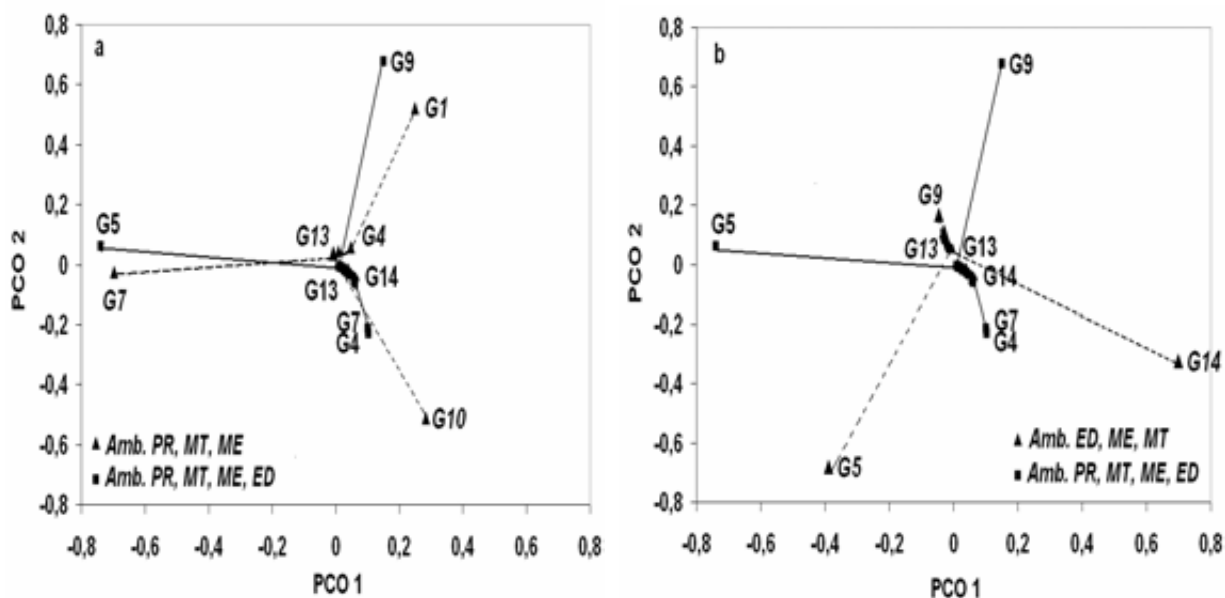


Figura 5. Análisis de coordenadas principales de los genotipos en los dos últimos ciclos: (a) ciclo ascendente y (b) ciclo descendente.

Gauch (2008), refiere que los análisis estadísticos multivariados tales como: AMMI y GGE, tienen considerable habilidad para obtener un modelo rico en patrón (efectos repetibles de la I. GXA) separando un residual rico en "ruido" (efectos sin patrón definido no repetibles), por lo que son mucho más preciso; mientras que otros modelos, especialmente el análisis de cluster, carece de esta capacidad y es más vulnerable al "ruido". El mismo autor, señala además, que cada componente principal de los modelos AMMI, GGE y otros basados en la descomposición de valores y vectores propios son esencialmente equivalentes, y el mérito relativo de uno u otro método dependen del propósito de la investigación.

Respecto al análisis de Coordenadas Principales, Ibáñez et al. (2001) señalaron que el modelo AMMI fue superior, al análisis de regresión lineal y de coordenadas principales, en la cuantificación de los efectos del genotipo y el ambiente en el rendimiento de cultivares de pastos. Sin embargo, Flores et al. (1996, 1998) probaron 11 genotipos de Vicia faba en 17 ambientes, encontrando similitud en los resultados obtenidos por ambos métodos.

Al respecto, Gauch (2008) señala que cuando se desea visualizar el patrón de comportamiento de los datos en un estudio multiambiental, el modelo AMMI es superior, debido a que el biplot AMMI1 tiene una mayor y más simple información geométrica que el biplot GGE, y es capaz de visualizar los efectos principales del genotipo, el ambiente y la I. GXA. Sin embargo, Yan et al. (2007) encontró superior al biplot GGE para el análisis de los ambientes, de su poder de discriminación o de representatividad, así como, la propia evaluación de los genotipos debido a que el análisis conjunto del genotipo más la I. GXA extrae mayor cantidad de varianza contenida en los datos.

Hamdi (2009), en un estudio de 14 combinaciones biparentales de caña de azúcar en tres localidades de Iram, comparó el modelo AMMI y el de las coordenadas principales para cinco caracteres evaluados (Longitud y número de tallos, longitud y número de entre nudos y brix refractométrico), encontrando correspondencia entre los dos métodos de estabilidad fenotípica utilizados, excepto en la longitud del tallo. No obstante, acata que el método de coordenadas principales resultó más exigente en la detección de combinaciones estables y de adaptabilidad específica.

Martín (2004), señala que los objetivos y las limitaciones del análisis de Coordenadas Principales (PCO) son similares a los análisis de Componentes Principales (ACP). Por su parte, Crossa (1990) le destaca como ventajas al PCO, que es útil cuando los ambientes son contrastantes, no

depende del juego de genotipos que se emplean en el análisis y que por medio de los gráficos que realiza, es muy simple identificar genotipos estables. No obstante, en la actualidad los modelos AMMI y GGE están entre los principales métodos estadísticos utilizados para el análisis de datos en experimentos multiambientales (Gauch, 2006) y los biplots obtenidos de los modelos AMMI y GGE son una excelente herramienta para reducir la dimensionalidad de los datos en el estudio de la I. GXA y permitir visualizar y explorar las relaciones entre genotipos, entre ambientes e interacciones entre genotipos y ambientes.

CONCLUSIONES

Los modelos AMMI y GGE mostraron similares resultados, logrando describir el patrón de comportamiento de la interacción genotipo-ambiente y la estabilidad fenotípica de los cultivares, a su vez el modelo GGE más útil cuando se desea evaluar los ambientes para conocer su poder de representatividad o de discriminación de genotipos.

Los resultados obtenidos del análisis de coordenadas principales coincidieron parcialmente con los obtenidos por los modelos AMMI y GGE, asimismo el método de coordenadas principales posee la limitante de expresar la estabilidad de los genotipos y no las relaciones con los ambientes.

El gráfico *biplot* obtenido de los modelos AMMI y GGE mostró ser una excelente técnica de análisis al problema de la interacción genotipo-ambiente, al permitir visualizar la similitud y diferencias entre los ambientes y su capacidad de discriminación de los genotipos; la similitud y diferencias entre los genotipos y sus respuesta a los ambientes, y la naturaleza y magnitud de la interacción entre genotipos y ambientes.

REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

Crossa, J. 1990. Statistical analyses of multilocation trials. *Adv. Agron.* 44:55–85.

Estrada C. B y Martínez V. 2003. Estabilidad del rendimiento de grano de híbridos de maíz usando mejores predadores lineales insesgados. *Agrociencia* 37:605-616.

Flores, F., Moreno, M.T. y Cubero, J. I. 1998. A comparison of univariate and multivariate methods to analyze GE interaction. *Field Crops Research* 56, 271–286.

García, H. 2004. Optimización del proceso de selección de variedades de caña de azúcar tolerantes al estrés por sequía y mal drenaje en la región central de Cuba. Tesis presentada en opción al grado Científico de Dr. en Ciencias Agrícolas. INICA.

Gauch, H.G. 2006. Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE. *Crop Sci.* 46:1488–1500.

Gauch H. G., Hans-Peter P., y Annicchiarico P. 2008. Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE: Further Considerations. *Crop Sci.* 48:866–889.

Glaz B. and Kang S. M. 2008. Location Contributions Determined via GGE Biplot Analysis of Multienvironment Sugarcane Genotype-Performance Trials. *Crop Sci.* 48:941-950.

Hamdi, H. 2009. Bases para el establecimiento de un programa de mejora genética de la caña de azúcar para las condiciones de estrés ambiental de la provincia Khuzestán, Iran. Tesis en opción al grado de Dr. en ciencias agrícolas. 98pp. INICA.

Hernández, A; Pérez, J.M; Bosch, D. y Rivero, L. 1999. Nueva Versión de Clasificación Genética de los Suelos de Cuba. AGRINFOR, 64 pp.

Ibañez M. A., Di Renzo M. A., Samame S. S., Bonamico N. C., Poverente M.M. 2001. Genotype–environment interaction of lovegrass forage yield in the semi-arid region of Argentina. *Journal of Agricultural Science, Cambridge*, 137, 329–336.

Jorge, H.; R. González, M. Casas e Ibis Jorge. 2002. Normas y Procedimientos del Programa de Mejoramiento Genético de la Caña de Azúcar en Cuba. Boletín No. 1 Cuba&Caña. INICA. 308p.

Lavoranti J. O. 2003. Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “bootstrap” no modelo AMMI. Tese apresentada a Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, para obtencao do título de Doctor em Agronomia, Área de

Concentração: Estatística e Experimentação Agronômica. Piracicaba 166 pp.

Martin J.A. 2004. A comparison of statistical methods to describe genotype x environment interaction and yield stability in multi-location maize trials. Thesis for the degree Magister Scientiae Agriculturae in the Faculty of Agriculture, Department of Plant Sciences at the University of the Free State. Bloemfontein. South Africa, 100p.

Westcott, B. 1987. A method of assessing the yield stability of crop genotypes. *Journal of Agricultural Sciences*, 108:2:267-274.

Yan, W., L.A. Hunt, Q. Sheng, and Z. Szlavnic. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci.* 40: 597-605.

Yan W., Cornelius P. L., Crossa J., y Hunt L. A. 2001. Two Types of GGE Biplots for Analyzing Multi-Environment Trial Data. *Crop Sci.* 41:656–663.

Yan, W., and N.A. Tinker. 2006. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Can. J. Plant Sci.* 86:623–645.

Yan, W., M.S. Kang, B. Ma, S. Woods, and P.L. Cornelius. 2007. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Sci.* 47:643–655.