



FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS
UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO

Paquete de R y aplicación Web para el análisis de datos
provenientes de ensayos multiambientales

JULIA ANGELINI

TRABAJO FINAL PARA OPTAR AL TITULO DE ESPECIALISTA EN
BIOINFORMÁTICA

DIRECTOR: Gerardo Cervigni
CO-DIRECTOR: Marcos Prunello

AÑO: 2020

Paquete de R y aplicación Web para el análisis de datos provenientes de ensayos multiambientales

Julia Angelini

Licenciada en Estadística – Universidad Nacional de Rosario

Este Trabajo Final es presentado como parte de los requisitos para optar al grado académico de Especialista en **Bioinformática**, de la Universidad Nacional de Rosario y no ha sido previamente presentada para la obtención de otro título en ésta u otra Universidad. El mismo contiene los resultados obtenidos en investigaciones llevadas a cabo en el **Centro de Estudios Fotosintéticos y Bioquímicos (CEFOBI)**, durante el período comprendido entre los años **2017 y 2020**, bajo la dirección del **Dr. Gerardo Cervigni** y **Mgs. Marcos Prunello**.

Nombre y firma del autor

Nombre y firma del Director

Nombre y firma del Co - Director

Defendida: _____ de 20____.

Agradecimientos

En este trabajo final, directa o indirectamente, participaron muchas personas a las que les quiero agradecer.

En primer lugar al Dr. Gerardo Cervigni por confiar en mí y permitirme explorar el mundo de la Bioinformática durante mi tesis doctoral, para que hoy sea parte de mis conocimientos. Al Mgs. Marcos Prunello por acompañarme en el desarrollo del trabajo final, por su dedicación y sus consejos.

Todo esto nunca hubiera sido posible sin el apoyo y el cariño de mis padres, de mi hermano, de Segundo y Kalita. Siempre estuvieron a mi lado, las palabras nunca serán suficientes para agradecerles.

A mis compañeras Jor y Lu, por su ayuda y por compartir excelentes momentos.

A Gaby y Euge mis compañeras de CEFOBI, gracias a ustedes este camino ha sido mas fácil!

A mis amigos, por estar siempre presentes.

Muchas gracias a todos!

Abreviaturas y Símbolos

EMA: ensayos multiambientales **IGA**: interacción genotipo ambiente **NCOI**: interacción sin cambio de rango, del inglés *no crossover interaction* **COI**: interacción con cambio de rango, del inglés *crossover interaction* **ANOVA**: análisis de la variancia, del inglés *analysis of variance* **AMMI**: modelo de los efectos principales aditivos y interacción multiplicativa, del inglés *Additive Main effects and Multiplicative Interaction* **ACP**: análisis de componentes principales **SREG**: modelo de regresión por sitio, del inglés *Site Regression model* **DVS**: descomposición de valores singulares **GNU**: *General Public Licence* **CRAN**: *Comprehensive R Archve Network* **EM**: maximización de la esperanza, del inglés *Expectation-Maximization*

Resumen

Las variedades mejoradas son el resultado del trabajo de desarrollo genético llevado a cabo en los programas de fi

tomejoramiento, los cuales se extienden a lo largo de varios años y requieren cuantiosas inversiones. En etapas avanzadas, los ensayos multiambientales (EMA), que comprenden experimentos en múltiples ambientes, son herramientas fundamentales para incrementar la productividad y rentabilidad de los cultivos. La vigencia comercial de las variedades puede extenderse durante varias décadas, por lo que su elección es crítica para que el productor evite pérdidas ecoómicas por malas campañas y el suministro al mercado sea constante. Consecuentemente, un análisis adecuado de la información de los EMA es indispensable para que el programa de mejoramiento de los cultivos sea efie

caz. Los programas informáticos se han convertido, hoy en día, en una herramienta esencial par el análisis de datos. Actualmente, R es uno de los programas más utilizados debido a su potencia y a su distribución como software libre. Actualmente existen numerosos paquetes de R lo cual provoca que no sea sencillo encontrar un paquete que sea útil para un determinado

propósito sino que se debe recurrir a varios de ellos. Frecuentemente, los mejoradores no tienen un manejo fluido de paquetes estadísticos que permitan entender la dinámica del problema. En este sentido el paquete Shiny que permite crear una interfaz gráfica entre R y el usuario, permitiendo acercar la potencia de R a todo tipo de usuarios. En el presente trabajo se desarrolló un paquete de R que permita analizar los datos provenientes de EMA para aquellos usuarios que tengan manejo del lenguaje de programación y una interfaz en Shiny que permita realizar los principales análisis del paquete sin necesidad de programar.

Palabras Clave:

Abstract

Keywords:

Índice general

Capítulos	Página
1. Introducción	1
2. Objetivos	6
2.1. Objetivo general	6
2.2. Objetivos específicos	6
3. Métodos	7
3.1. Métodos estadísticos	7
3.1.1. Modelo AMMI y SREG	7
3.1.2. Modelo AMMI robusto	8
3.1.3. Métodos de imputación	9
3.2. Paquete de R	9
3.2.1. Creación del paquete	10
3.2.2. Creación de funciones y conjuntos de datos	11
3.2.3. Documentación	12
3.2.4. Pruebas del flujo de trabajo	13
3.2.5. Compilación e instalación	14
3.2.6. Publicación	14
3.3. Shiny APP	15
3.3.1. Flujo de trabajo	16
3.3.2. Compartiendo una Shiny Web App	19
4. Resultados	20
4.1. Paquete de R <i>geneticae</i>	20
4.1.1. Conjuntos de datos en <i>geneticae</i>	20
4.1.2. Funciones en <i>geneticae</i>	21
4.2. <i>Geneticae</i> Shiny Web App	33
4.2.1. Los datos	33

4.2.2.	Análisis descriptivo	35
4.2.2.1.	<i>Boxplot</i>	35
4.2.2.2.	Gráfico y matriz de correlación	37
4.2.2.3.	Gráfico de interacción	39
4.2.3.	Análisis de la variancia	40
4.2.4.	Biplots	44
4.2.4.1.	GGE	44
4.2.4.2.	GE	44
5.	Conclusiones	45
	Bibliografía	46

Índice de figuras

1.1. Representación gráfica de tipos de IGA: (A)IGA no crossover, (B) IGA crossover y (C) no IGA	2
3.1. Esquema interno de la aplicación.	16
4.1. Biplot básico obtenido de la función <code>GGEPlot()</code>	23
4.2. Ranking de cultivares para un ambiente determinado obtenido de la función <code>GGEPlot()</code>	24
4.3. Ranking de ambientes para cultivar determinado obtenido de la función <code>GGEPlot()</code>	25
4.4. Comparación entre dos genotipos obtenido de la función <code>GGEPlot()</code>	26
4.5. Identificación del mejor cultivar en cada ambiente a partir de la función <code>GGEPlot()</code>	27
4.6. Evaluación de los cultivares con base en el rendimiento promedio y la estabilidad a partir de la función <code>GGEPlot()</code>	28
4.7. Relación entre ambientes obtenido de la función <code>GGEPlot()</code>	29
4.8. Evaluación de los ambientes basados tanto en la capacidad de discriminación y representatividad a partir de la función <code>GGEPlot()</code>	30
4.9. Clasificación de ambientes con respecto al ambiente ideal a partir de la función <code>GGEPlot()</code>	30
4.10. Clasificación de genotipos con respecto al genotipo ideal a partir de la función <code>GGEPlot()</code>	31
4.11. Biplot GE obtenido del modelo clasico AMMI	32
4.12. yanwinterwheat dataset disponible en Shiny Web App	34
4.13. plrv dataset disponible en Shiny Web App	35
4.14. Boxplot de ambientes a través de los genotipos para el conjunto de datos Plrv	36
4.15. Boxplot de genotipos a través de los ambientes para el conjunto de datos Plrv	37

4.16. Boxplot de genotipos a través de los ambientes para el conjunto de datos	
Plrv	38
4.17. Boxplot de ambientes a través de los genotipos para el conjunto de datos	
Plrv	38
4.18. Boxplot de genotipos a través de los ambientes para el conjunto de datos	
Plrv	39
4.19. Boxplot de genotipos a través de los ambientes para el conjunto de datos	
Plrv	40
4.20. Boxplot de genotipos a través de los ambientes para el conjunto de datos	
Plrv	41
4.21. Boxplot de genotipos a través de los ambientes para el conjunto de datos	
Plrv	42
4.22. Boxplot de genotipos a través de los ambientes para el conjunto de datos	
Plrv	43
4.23. Boxplot de genotipos a través de los ambientes para el conjunto de datos	
Plrv	43

Índice de tablas

Lista de tareas pendientes

This is a note see 1.0 at p. 1

Capítulo 1

Introducción

A lo largo de la historia de la agricultura, el hombre ha desarrollado el mejoramiento vegetal en forma sistemática y lo ha convertido en un instrumento esencial para incrementar la producción agrícola en términos de cantidad, calidad y diversidad.

This
is a
note

El fitomejoramiento, en un sentido amplio, busca alterar la frecuencia alélica de los genes para obtener cultivares genéticamente superiores, adaptados a condiciones específicas, con mayor rendimiento y mejor calidad que las variedades nativas o criollas (Allard, 1967). En otras palabras, su objetivo es desarrollar plantas cuyo patrimonio hereditario esté de acuerdo con las condiciones, necesidades y recursos de todos aquellos que producen, transforman y consumen productos vegetales.

Las variedades mejoradas son el resultado del trabajo de desarrollo genético llevado a cabo en los programas de fitomejoramiento, los cuales se extienden a lo largo de varios años y requieren cuantiosas inversiones. Generalmente, en etapas tempranas de estos programas existe un gran número de genotipos experimentales con pocos antecedentes de evaluación; mientras que en etapas posteriores se trabaja con pocos genotipos que se evalúan con más repeticiones y en más ambientes/años. Estos ensayos multiambientales (EMA) son herramientas fundamentales para evaluar la productividad para así asegurar la rentabilidad de los cultivos.

Como consecuencia de que los EMA se llevan a cabo en múltiples ambientes/años, la aparición de la interacción genotipo \times ambiente (IGA) es inevitable debido a las variaciones en las condiciones climáticas y de suelo. La IGA es considerada por los fitomejoradores como el principal factor limitante de respuesta a la selección y, en general, de la eficiencia de los programas de mejoramiento, por provocar respuestas altamente variables en los diferentes ambientes (Crossa et al. (1990); Cruz Medina, 1992; Kang y Magari, 1996). Gauch y Zobel (1996) explicaron la importancia de IGA como: “Si no hubiera interacción, una sola variedad de trigo (*Triticum aestivum* L.) o de maíz (*Zea mays* L.) o cualquier otro cultivo rendiría al máximo en todo el mundo, y además las variedades se

deberían evaluar en un sólo lugar para proporcionar resultados universales”.

Peto (1982) ha distinguido las interacciones cuantitativas, conocida también como interacción sin cambio de rango o *no crossover* (NCOI), de las interacciones cualitativas, denominada también con cambio de rango (COI) o *crossover* (Cornelius et al., 1996). Cuando dos genotipos X e Y tienen una respuesta diferencial en dos ambientes diferentes, y su ordenación permanece sin cambios, se dice que la IGA es del tipo simple o *no crossover* (Figura 1.1(A)) es es compleja o *crossover* cuando hay cambios en el orden de los genotipos (Figura 1.1(B)), y, finalmente, es inexistente cuando los genotipos responden de manera similar en ambos ambientes (Figura 1.1(C)).

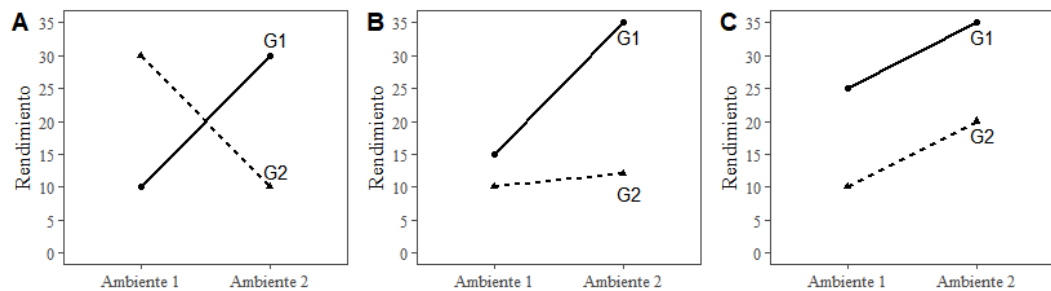


Figura 1.1: Representación gráfica de tipos de IGA: (A) IGA no crossover, (B) IGA crossover y (C) no IGA

Entre las implicancias negativas de la IGA en los programas de mejoramiento se encuentra el impacto negativo sobre la heredabilidad, cuanto menor sea la heredabilidad de un carácter, mayor será la dificultad para mejorar ese carácter mediante la selección. Como consecuencia, la información sobre la estructura y la naturaleza de la IGA es particularmente útil para determinar si se deben desarrollar cultivares con adaptación amplia o específica (Bridges, 1989). La decisión sobre qué tipo de estrategia seguir, involucra considerar y analizar conceptos como regiones ecológicas, ecotipos y mega-ambientes (Kang et al., 2004).

La vigencia comercial de las variedades puede extenderse durante varias décadas, por lo que su elección es crítica para que el productor evite pérdidas económicas por malas campañas y el suministro al mercado sea constante. Consecuentemente, un análisis adecuado de la información de los EMA es indispensable para que el programa de mejoramiento genético de los cultivos sea eficaz. El rendimiento medio en los ambientes es un indicador suficiente del rendimiento genotípico solo en ausencia de IGA (Yan y Kang, 2003). Sin embargo, la aparición de IGA es inevitable y no basta con la comparación de las medias de los genotipos, sino que se debe recurrir a una metodología estadística más apropiada. La metodología estadística más difundida para analizar los datos provenientes de EMA

se basa en modificaciones de los modelos de regresión, análisis de variancia (ANOVA) y técnicas de análisis multivariado.

Particularmente, para el estudio de la IGA y los análisis que de ella se derivan, dos modelos multiplicativos han aumentado su popularidad entre los fitomejoradores, especialmente como una herramienta de análisis gráfico: el modelo de los efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction*, AMMI) (Kempton 1984, Gauch, 1988), y el de regresión por sitio (*Site Regression model*, SREG) (Cornelius et al., 1996; Gauch y Zobel (1997) y 2002). Estos modelos combinan un ANOVA con la descomposición de valores singulares (DVS) o un análisis de componentes principales (ACP) sobre la matriz residual de ANOVA. En SREG, el ANOVA se realiza sobre el efecto principal o ambiental (A), mientras que en AMMI el ANOVA se realiza sobre los efectos principales de genotipos (G) y A. Si bien a través del modelo AMMI se obtiene el gráfico biplot Genotipo \times Ambiente (GA), el cual es usado para explorar patrones puramente atribuibles a los efectos la IGA, para el modelo SREG el biplot GGE es usado para explorar simultáneamente patrones de variación conjunta de G e IGA (Yan y Hunt (2002)).

Una limitación importante de la mayoría de las propuestas del análisis de EMA es que requieren que el conjunto de datos esté completo. Aunque los EMA están diseñados para que la totalidad de los genotipos se evalúen en todos los ambientes, las tablas de datos genotipo \times ambiente completas son poco frecuentes (no todos los genotipos se encuentran en todos los ambientes). Esto ocurre, por ejemplo, debido a errores de medición o pérdidas de plantas por animales, inundaciones o problemas durante la cosecha, además de la dinámica propia de la evaluaciones en las que se incorporan y se descartan genotipos debido a su pobre desempeño (Hill y Rosemberg, 1985). En estos casos, entre las posibles soluciones para tratar con una tabla de datos incompleta se encuentran: (i) el uso de un subconjunto completo de datos, eliminando aquellos genotipos que tienen valores faltantes (Ceccarelli et al., 2007, Yan et al., 2011), (ii) completar datos faltantes con la media ambiental, o (iii) imputar los datos faltantes con valores estimados utilizando modelos multiplicativos (Kumar et al., 2012).

En este contexto, el análisis de datos provenientes de EMA requiere metodología estadística más sofisticada cuyas rutinas informáticas se encuentran disponibles en programas desarrollados por diferentes empresas. Esto genera el inconveniente de tener que disponer de todos los programas necesarios para los distintos análisis, atender los requerimientos de formatos de datos usados por cada uno de ellos, y comprender los diversos tipos de salidas en las que se ofrecen los resultados obtenidos. Además, algunos procedimientos, especialmente aquellas metodologías recientes, no se encuentran disponibles, y los costos de las licencias de dichos programas resultan muy elevados.

Desarrollado por *The R Foundation for Statistical Computing* el programa R se trata de un proyecto colaborativo de uso libre y distribuido bajo los términos de la *General Public Licence* (GNU). R, surge como resultado de la implementación del lenguaje S uno de los más utilizados en investigación por la comunidad estadística. A diferencia de los programas estadísticos utilizados frecuentemente, R es un lenguaje de programación y no dispone de una interfaz gráfica en la cual los distintos análisis se realizan por menús, generando cierta dificultad en su uso para aquéllos que no se encuentran familiarizados con el lenguaje. Sin embargo, por ser un software libre, permite a los usuarios definir sus propias funciones dando lugar a mayores posibilidades respecto del manejo y análisis de los datos disponibles. Si bien la versión básica del programa dista mucho de ser amigable, RStudio, un entorno de desarrollo integrado (IDE) gratuito y de código abierto para R, permite una interacción más fluida con el programa, actuando como una interfaz amigable con el usuario. Al formar parte de un proyecto colaborativo, R promueve el hecho de que los usuarios compartan con la comunidad las funciones creadas por ellos, es decir que está en continuo desarrollo y actualización. A menudo, no resulta sencillo reutilizar una función creada por algún usuario, por ello, se ha introducido la posibilidad de crear paquetes (*package*) o librerías. Éstas son una colección de objetos desarrollados y organizados siguiendo un protocolo fijo, lo cual garantiza un soporte mínimo para el usuario así como la ausencia de errores (de sintaxis) en la programación.

Actualmente, R cuenta con 14 paquetes básicos y 29 recomendados para su funcionamiento que se instalan automáticamente en él, tal como *base* o *stats*. Entre los paquetes que extienden las funciones básicas de R se encuentran, *plyr*, *lubridate*, *reshape2* y *stringr* para la manipulación de los datos; *ggplot2* y *rgl* para la visualización; *knitr* y *xtable* para la presentación de resultados; entre otros. La lista completa de los paquetes oficiales puede consultarse en CRAN¹, que contaba con más de 14.000 paquetes disponibles hasta junio de 2019. Esta gran variedad de paquetes es una de las razones de la gran difusión de R, ya que cada usuario puede tratar su problemática utilizando un paquete desarrollado por otro usuario. Además de los paquetes oficiales, existen otros que pueden instalarse desde repositorios como Github. Sin embargo, no es sencillo encontrar un paquete con todas las rutinas necesarias para el análisis, sino que debe recurrirse a varios de ellos.

Con frecuencia, los mejoradores usan programas con interfaz gráfica para realizar el análisis estadístico, sin necesidad del manejo de un lenguaje de programación. En el año 2012 se creó el paquete *Shiny* de R que facilita el desarrollo de aplicaciones Web utilizando R, acercando la potencia de R a todo tipo de usuarios, sin tener que programar.

El objetivo del presente trabajo es considerar R para: (i) crear un paquete de que

¹CRAN (Comprehensive R Archive Network) es el repositorio oficial de paquetes de R, el lugar donde se publican las nuevas versiones del programa, etc. Contiene la lista completa de paquetes oficiales. https://cran.r-project.org/web/packages/available_packages_by_name.html

integre las funciones que permitan analizar los datos provenientes de EMA, incluyendo metodologías recientemente publicadas, no disponibles en R; (ii) usando Shiny crear una interfaz gráfica para agilizar el uso del paquete.

Capítulo 2

Objetivos

2.1. Objetivo general

Desarrollar un paquete de R para el análisis de datos provenientes de EMA y una interfaz gráfica para el usuario a través de una aplicación web Shiny, que posibilite la utilización del paquete sin requerir conocimientos de programación.

2.2. Objetivos específicos

- Mostrar un flujo de trabajo reproducible para la construcción de paquetes de R.
- Programar e incluir en el paquete de R metodología para el análisis de datos provenientes de EMA recientemente publicada.
- Añadir en el paquete de R funciones ya existentes con modificaciones o agregados para favorecer su uso.
- Desarrollar una aplicación web Shiny que sirva como interfaz gráfica para el paquete.
- Publicar el paquete y la aplicación para su libre uso.

Capítulo 3

Métodos

3.1. Métodos estadísticos

3.1.1. Modelo AMMI y SREG

El modelo AMMI propuesto por Zobel et al. (1988) es un modelo multiplicativo en el cual se expresa el fenotipo de un genotipo en un ambiente de la siguiente forma:

$$y_{ij} = \mu + G_i + A_j + \sum_{k=1}^q \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} \quad i = 1, \dots, g; \quad j = 1, \dots, a; \quad q = \min(g - 1, a - 1)$$

donde

- y_{ij} es el caracter fenotípico evaluado (rendimiento o cualquier otro caracter de interés) del i -ésimo genotipo en el j -ésimo ambiente,
- μ es la media general,
- G_i es el efecto del i -ésimo genotipo,
- A_j es el efecto del j -ésimo ambiente
- $\sum_{k=1}^q \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk}$ es la sumatoria de componentes multiplicativas utilizadas para modelar la IGA. Siendo, λ_k el valor singular para la k -ésima componente principal (PC) α_{ik} y γ_{jk} son los scores de las PC para el i -ésimo genotipo y el j -ésima ambiente para la k -ésima componente, respectivamente;

En cambio, el modelo SREG (Cornelius et al., 1996; Crossa y Cornelius, 1997 y 2002) expresa el fenotipo de un genotipo en un ambiente en función del efecto ambiente aditivo y los efectos genotipo e interacción agrupados y en forma multiplicativa:

$$y_{ij} = \mu + A_j + \sum_{k=1}^q \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} \quad i = 1, \dots, g; \quad j = 1, \dots, a; \quad q = \min(g - 1, a - 1)$$

Los parámetros multiplicativos, tanto en el modelo AMMI como en el SREG, se estiman por medio de la DVS de la matriz que contiene los residuos del modelo aditivo luego de ajustar por mínimos cuadrados el modelo de efectos principales. Generalmente los dos

primeros términos multiplicativos son suficientes para explicar los patrones de interacción; la variabilidad remanente se interpreta como ruido.

Para visualizar el efecto de IGA o conjuntamente el efecto de G y IGA se proponen los gráficos biplots GE y GGE (proveniente de las siglas en inglés G de Genotipo y GE de Genotipo-Environment) (Yan et al., 2000) respectivamente. El concepto del biplot fue presentado por Gabriel (1971), que consiste en una representación de las filas (individuos) y las columnas (variables) de una matriz de datos en un mismo gráfico. Éstos biplots, son herramientas poderosas definidas para el análisis e interpretación de la estructura de datos provenientes de ensayos multiambientales utilizados en los programas de mejoramiento (Ebdon y Gauch, 2002; Samonte et al., 2004; Yan et al., 2000; Zobel et al., 1988).

El biplot GE ayuda a interpretar la variación producida por los efectos de la IGA. Por otro lado, el biplot GGE permite investigar la diferenciación de mega-ambientes entre los ambientes en estudio, seleccionar cultivares superiores en un mega-ambiente dado y seleccionar los mejores ambientes de evaluación para analizar las causas de la interacción GA. Se define como mega-ambiente a un grupo de ambientes en donde los cultivares de mejor desempeño son los mismos.

3.1.2. Modelo AMMI robusto

El modelo AMMI, en su forma estándar, asume que no hay valores atípicos en el conjunto de datos. La presencia de observaciones atípicas es más una regla que una excepción cuando se consideran datos agronómicos debido a errores de medición, algunas plagas / enfermedad que puede influir en algunos genotipos resultando por ejemplo en un rendimiento inferior al esperado en un ambiente, o incluso debido a alguna característica inherente de los genotipos que se evalúan.

Rodrigues et al. (2015) proponen una generalización robusta del modelo AMMI, que se puede obtener en dos etapas: primero ajustar la regresión robusta basada en el estimador M-Huber (Huber, 1981) para reemplazar el ANOVA; y luego utilizar un procedimiento DVS / PCA robusto para reemplazar la DVS estándar. En la segunda etapa, consideraron varios métodos dando lugar a total de cinco modelos robustos llamados: R-AMMI, H-AMMI, G-AMMI, L-AMMI, PP-AMMI.

El empleo de la versión robusta del modelo AMMI puede ser extremadamente útil debido a que una mala representación de genotipos y ambientes en los biplots puede dar como resultado un mala decisión con respecto a qué genotipos seleccionar para un conjunto dado de ambientes (Gauch1997,Yanetal2000). A su vez, la elección de los genotipos incorrectos pueden provocar grandes pérdidas en términos de producción de rendimiento. Los biplots obtenidos de los modelos robustos mantienen las características e interpretación estándar del modelo AMMI clásico (Rodrigues et al. (2015)).

3.1.3. Métodos de imputación

Una limitación importante que presentan los modelos multiplicativos descriptos previamente es que requieren que el conjunto de datos este completo, es decir no admiten valores perdidos. Aunque los EMA están diseñados para que todos los genotipos se evalúen en todos los ambientes, la presencia de valores faltantes es muy común debido a errores de medición o pérdidas de plantas por animales, inundaciones o problemas durante la cosecha, además de la dinámica propia de la evaluaciones en las que se incorporan y se descartan genotipos debido a su pobre desempeño (Hill y Rosemberg, 1985)

Se han propuesto numerosas metodologías para superar el problema de valores ausentes en el conjunto de datos, entre las cuales se encuentran:

- EM-AMMI: Gauch y Zobel (1990) desarrollaron un procedimiento iterativo que utiliza el algoritmo de maximización de la esperanza (EM, del inglés *Expectation-Maximization*) incorporando el modelo AMMI. **Este método reemplaza... (poner como abajo)**. Dependiendo del número de términos multiplicativos empleados, el método de imputación puede denominarse EM-AMMI0, EM-AMMI1, etc. (Gauch y Zobel 1990).
- EM-SVD: Perry (2009a) propone un método de imputación que combina el algoritmo EM con DVS. Este método, en forma similar al anterior, reemplaza los valores faltantes de una matriz $G \times E$ inicialmente por valores arbitrarios para obtener una matriz completa, y luego la DVS se calcula iterativamente en esa matriz.
- EM-PCA:
- Gabriel Eigen: Arciniegas-Alarcón et al. (2010) propuso un método de imputación que combina regresión y aproximación de rango inferior usando DVS. El método reemplaza inicialmente las celdas faltantes por valores arbitrarios, y posteriormente el las imputaciones se refinan a través de un esquema iterativo que define una partición de la matriz para cada valor que falta a su vez y utiliza una regresión lineal de columnas (o filas) para obtener el nueva imputación. En esta regresión, la matriz de diseño se aproxima por una matriz de menor rango usando la DVS.
- WGabriel Eigen:

3.2. Paquete de R

En R, la unidad fundamental de código que se puede compartir es el paquete. Éste agrupa códigos, datos, documentación y pruebas, y es fácil de compartir con otros. Para crear uno de ellos, se deben seguir los siguientes pasos:

- Crear el paquete.

-
- Crear, modificar y probar archivos .R
 - Verificar
 - Redacción de la documentación.
 - Verificar
 - Instalar.

Para el desarrollo del paquete se utilizan numerosas funciones incluidas en el paquete *devtools* (Hadley et al., 2019) ya que facilita el proceso de creación del mismo. Antes de comenzar, se debe tener instalada la última versión de R, luego mediante el siguiente código se instalarán los paquetes que se necesitan:

```
install.packages(c("devtools", "roxygen2", "testthat", "knitr"))
```

Se debe contar además con una versión reciente del IDE de RStudio.

3.2.1. Creación del paquete

Para crear la estructura del paquete se utiliza la función `create_package()`. El principal y único argumento requerido por dicha función es el directorio donde el nuevo paquete se alojará. Por lo general, si el directorio se llama “geneticae”, entonces el nombre del paquete también será “geneticae”:

```
# Cargar la libreria devtools
library(devtools)
# Crear el paquete genetiae
create_package("C:/Users/Julia/Desktop/geneticae")
```

El resultado de ejecutar la función `create_package()` es un paquete con los siguientes componentes:

- Un directorio R/.
- DESCRIPTION, un archivo simple cuyo objetivo es almacenar metadatos importantes sobre el paquete, especifica el título, la versión del mismo, identifica al autor y brinda un mail de contacto, una breve descripción del paquete, la lista de los paquetes que el paquete creado necesita para funcionar, la licencia, entre otros.

El contenido básico en un archivo DESCRIPTION es:

Package: genetiae

Title: What the Package Does (One Line, Title Case)

Version: 0.0.0.9000

Authors@R:

```
person(given = "First",
       family = "Last",
       role = c("aut", "cre"),
```

```
email = "first.last@example.com",
comment = c(ORCID = "YOUR-ORCID-ID"))
Description: What the package does (one paragraph).
License: What license it uses
Encoding: UTF-8
LazyData: true
```

- Un archivo NAMESPACE

Estas carpetas se irán modificando a medida que el paquete se vaya creando. También puede incluir un archivo de proyecto de RStudio `pkgname.Rproj`, que hace que el paquete sea fácil de usar con RStudio; `.Rbuildignore` enumera los archivos que se necesitan, pero que no deben incluirse al compilar el paquete R desde la fuente; `.gitignore` anticipa el uso de Git. Se crearán, a través de devtools, las siguientes carpetas: `data/` y `man/`.

3.2.2. Creación de funciones y conjuntos de datos

Una vez creada la estructura del paquete se deben incluir las funciones que el mismo contendrá. Cada una de ellas debe ser guardada en un archivo de extensión `.R`, en el subdirectorio `R/`. Para ello, se utiliza la función `use_r()` la cual crea y/o abre un script de la carpeta `R/`.

Una vez creada una función, se realizan pruebas para asegurar que el código realice lo que realmente se desea utilizando la función `load_all()` que simula el proceso de construcción, instalación y conexión del paquete. Permite que las funciones creadas estén disponible rápidamente para uso interactivo, del mismo modo que si se hubiera construido e instalado el paquete y luego cargada en la sesión de R a través de la función `library(geneticae)`.

Muy frecuentemente se utilizan funciones que se encuentran disponibles en otros paquetes, para ello se utiliza la función `use_package()` que agrega el paquete al archivo `DESCRIPTION`.

A menudo es útil incluir datos en un paquete a fin de proporcionar ejemplos de aplicaciones de las funciones incluidas en él. Ellos se almacenan en el directorio `data/`, siendo cada archivo un `.RData` que sólo contiene un objeto. Para esto, se utiliza la función `usethis::use_data()`. Notar que el archivo `DESCRIPTION` creado con la función `create_package()`, mencionada anteriormente, contiene el campo `LazyData: true`, lo cual genera que los conjuntos de datos no ocupen memoria hasta que sean usados.

3.2.3. Documentación

La documentación es uno de los aspectos más importantes del código, sin ella, los usuarios no sabrán cómo usar el paquete. Existen múltiples formas de documentar un paquete, la forma estándar es escribir archivos `.Rd` en la carpeta `man`, los cuales utilizan una sintaxis personalizada, basada en LaTeX. Sin embargo, el paquete *roxygen2*, utilizado en este trabajo, convierte los comentarios con formato especial en archivos `.Rd`. Esta última proporciona una serie de ventajas sobre la estándar:

- El código y la documentación son adyacentes, de modo que cuando el código se modifique, será fácil actualizar la documentación.
- Inspecciona dinámicamente los objetos que está documentando, para que pueda agregar automáticamente los datos que de otra forma se deben escribir a mano.
- Resume las diferencias en la documentación de los métodos S3 y S4, los genéricos y las clases, por lo que necesita aprender menos detalles.

Además de generar archivos `.Rd`, *roxygen2* también creará el archivo `NAMESPACE`. El flujo de trabajo para crear la documentación con el paquete *roxygen2* es el siguiente:

- Agregar comentarios a los archivos `.R`, los cuales comienzan con `#` y preceden a una función. La primera oración se convierte en el título y el segundo párrafo es una descripción de la función. Seguidamente, las funciones son documentadas, la mayoría de las funciones tienen tres etiquetas: `@param`, `@examples` y `@return`.
 - `@param` describe los parámetros de la función, indica de que clase es el parámetro y para que sirve.
 - `@examples` proporciona un código ejecutable que muestra cómo usar la función en la práctica.
 - `@return` describe el resultado de la función.
- Ejecutar `devtools::document()` para convertir los comentarios de *roxygen* en archivos `.Rd`.

Roxygen2 permite utilizar la descripción de los parámetros de otras funciones usando `@inheritParams`. Esta documentará los parámetros que no están documentados en la función actual, pero que si lo están en la función fuente. La fuente puede ser una función en el paquete actual, vía `@inheritParams function`, u otro paquete, vía `@inheritParams package::function`.

A diferencia de las funciones que son documentadas directamente, para los objetos en `data/`, se debe crear un archivo y guardarlo en el directorio `R/`.

Viñetas

A diferencia de la documentación, en la cual se detalla como se utiliza cada una de

las funciones del paquete, una viñeta es una descripción el problema que el paquete está diseñado para resolver y muestra al lector cómo resolverlo.

Muchos de los paquetes existentes tienen viñetas la cual puede ser buscada mediante la función `browseVignettes("packagename")`. Cada viñeta proporciona el archivo fuente original, una página HTML o PDF y un archivo de código R. Las viñetas de paquetes que no han sido instalados pueden ser consultados en su página de CRAN, por ejemplo para el paquete *dplyr*: <http://cran.r-project.org/web/packages/dplyr>.

Las Viñetas se pueden construir de diversas formas, en este trabajo se utiliza *devtools* para crear la estructura de la misma y luego se añade el contenido que se desee en formato Rmarkdown. Rmarkdown permite combinar, texto plano, bloques de código y salidas.

Para crear la viñeta, se utiliza `usethis::use_vignette("my-vignette")`. La misma crea un directorio `vignettes/`, agrega las dependencias necesarias a DESCRIPTION y redacta la viñeta. Las tres componentes fundamentales de la misma son las siguientes:

- El bloque inicial de metadatos, que contiene la siguiente información:

```
---
title: "Vignette Title"
output: rmarkdown::html_vignette
vignette: >
  %\VignetteIndexEntry{Vignette Title}
  %\VignetteEngine{knitr::rmarkdown}
  \usepackage[utf8]{inputenc}
---
```

- Markdown para formatear texto.
- Knitr para interpretar texto, código y resultados.

3.2.4. Pruebas del flujo de trabajo

Las pruebas resultan fundamentales en el desarrollo de paquetes, asegura que el código haga lo que realmente se desea. Existen pruebas informales como aquellas realizadas con la función `load.all()`. Sin embargo, estas pruebas interactivas pueden convertirse en scripts reproducibles, los cuales resultan superiores debido a que:

- Se indica explícitamente cómo debería comportarse el código, provocando que los errores solucionados no vuelvan a ocurrir.
- El código que es fácil de probar generalmente está mejor diseñado, reduce la duplicación en el código. Como resultado, las funciones serán más fáciles de probar, comprender y trabajar.

-
- Si toda la funcionalidad del paquete tiene una prueba asociada, se pueden hacer grandes cambios sin preocuparse por generar errores.

Para ello se utiliza la función `usethis::usetestthat()` (Wickham,2011). Esta crea un directorio `tests/testthat`, agrega `testthat` al campo `Suggests` en el archivo `DESCRIPTION` y además, crea un archivo `tests/testthat.R`.

Las pruebas se organizan jerárquicamente, las expectativas se agrupan en pruebas que se organizan en archivos :

- Una expectativa describe el resultado esperado de un cálculo.
- Una prueba agrupa múltiples expectativas para probar la salida de una función simple, un rango de posibilidades para un solo parámetro de una función más complicada o una funcionalidad estrechamente relacionada de varias funciones.
- Un archivo agrupa múltiples pruebas relacionadas.

Existen tres formas de llevar a cabo las pruebas:

- Ejecutar todas las pruebas en un archivo o directorio `test_file()` o `test_dir()`.
- Ejecutar pruebas automáticamente cada vez que algo cambie con la función `auto-test()`. Estas son útiles cuando las pruebas se ejecutan con frecuencia. Si se modifica un archivo de prueba, probará ese archivo; si se modifica un archivo de código, volverá a cargar ese archivo y volverá a ejecutar todas las pruebas.
- Hacer que `R CMD check` ejecute sus pruebas.

3.2.5. Compilación e instalación

Mediante la función `load_all()` fue utilizado para simular el proceso de construcción, instalación y conexión del paquete, con el fin de ir probando las funciones creadas. Sin embargo, `R CMD check` ejecutado en el shell o la función `check()`, es utilizado para verificar que un paquete R esta en pleno funcionamiento. La misma verificará que no haya errores de sintaxis o no se generen warnings. Está compuesto por más de 50 chequeos individuales entre los cuales se encuentran: la estructura del paquete, el archivo descripción, namespace, el código de R, los datos, la documentación, entre otros. Se aconseja realizar verificaciones completas de que todo funciona a medida que se van incorporando funciones ya que si se incorporan muchas y luego se verifican será difícil identificar y resolver los problemas. Una vez que las verificaciones completas no encuentran errores, advertencias o notas, se ejecuta la función `install()`, con el objetivo de instalar el paquete en la biblioteca.

3.2.6. Publicación

Un repositorio es el lugar dónde se encuentran alojados los paquetes y desde el cuál se pueden descargarlos. Entre los repositorios más populares de paquetes R se encuentran:

-
- **CRAN**: es el principal repositorio de paquetes de R, está coordinado por la fundación R. Previa a la publicación en este repositorio el paquete debe pasar por diferentes pruebas para asegurar que cumple con las políticas de CRAN.
 - **Bioconductor**: se trata de un repositorio específico para bioinformática. Del mismo modo que CRAN, tiene sus propias políticas de publicaciones y procesos de revisión.
 - **GitHub**: a pesar que no es específico para R, github es con toda seguridad el repositorio más popular para la publicación de proyectos *open source* (del inglés, código abierto). Su popularidad procede del espacio ilimitado que proporciona para el alojamiento de proyectos *open source*, la integración con git (un software de control de versiones) y, la facilidad de compartir y colaborar con otras personas. Una de sus desventajas es que no proporciona procesos de control.
 - **R-Forge** y **RForge**: son entornos de desarrollo de paquetes y repositorios. Eso significa que incluyen control de fuente, seguimiento de errores y otras características. Puede obtener versiones de desarrollo de paquetes de estos.

El paquete *geneticae* se encuentra en GitHub, para instalar el mismo se deben seguir las siguientes instrucciones:

```
library(devtools)
install_github("jangelini/geneticae")
```

3.3. Shiny APP

Una aplicación web es una aplicación o herramienta informática accesible desde cualquier navegador, bien sea a través de internet (lo habitual) o bien a través de una red local. Estas aplicaciones son muy populares hoy en día para los usuarios no expertos, debido a la facilidad de su uso, ya que no requiere de una instalación en el ordenador del usuario, simplemente se accede a través de un navegador. Por lo que es posible utilizar una aplicación web desde cualquier dispositivo con conexión a internet, ya sea un ordenador, un smartphone o una tablet, es decir que es independiente del sistema operativo del usuario. Otra gran ventaja es el bajo consumo de recursos, ya que la mayor parte del tiempo estos se consumen en el servidor donde se encuentra alojada la aplicación, que generalmente tiene mucha más potencia de cómputo que cualquier ordenador personal.

Crear aplicaciones web puede resultar difícil para la mayoría de los usuarios de R debido a que se necesita un conocimiento profundo de las tecnologías web como HTML, CSS y JavaScript; y además hacer aplicaciones interactivas complejas requiere un análisis cuidadoso de los flujos de interacción para asegurarse de que cuando una entrada cambie, solo se actualicen las salidas relacionadas. Shiny es un paquete R que te permite crear aplicaciones web interactivas, permitiendo exhibir un trabajo de R a través de un nave-

gador web para que cualquiera pueda usarlo. Este paquete hace que sea mucho más fácil para el programador R crear aplicaciones web al proporcionar un conjunto de funciones de interfaz de usuario (UI para abreviar) que generan el HTML, CSS y JavaScript que necesita para tareas comunes. Esto significa que no se necesita conocer los detalles de HTML / CSS / JS.

Los dos componentes clave de una Shiny APP son:

- *ui* (*user interfaz*): la interfaz de usuario controla el diseño de la aplicación, recibe los inputs y muestra los outputs en el navegador.
- *server*, funciones de R que contienen las instrucciones que se necesitan para construir los resultados de los análisis incluidos en la aplicación.
- *shinyApp*, función que crea objetos de aplicación Shiny a partir de *ui* / servidor.

El esquema interno de la aplicación puede observarse en la Figura 3.1.

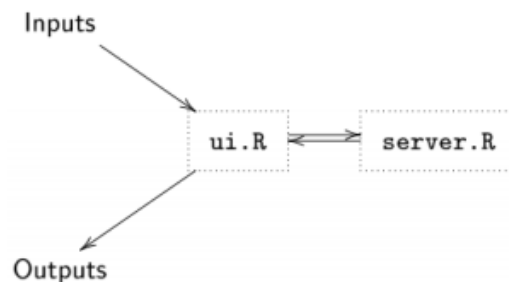


Figura 3.1: Esquema interno de la aplicación.

3.3.1. Flujo de trabajo

En esta sección se mostrará cómo mejorar dos flujos de trabajo de Shiny importantes: el ciclo de desarrollo básico de crear aplicaciones, realizar cambios y experimentar con los resultados; y la depuración, proceso de identificar y corregir errores de programación.

1. Flujo de trabajo de desarrollo

El objetivo de optimizar el flujo de trabajo de desarrollo es reducir el tiempo entre hacer un cambio y ver el resultado. Cuanto más rápido se pueda iterar, más rápido se podrá experimentar y más rápido se podrá obtener la Shiny APP. Aquí hay dos flujos de trabajo principales para optimizar: crear la aplicación por primera vez y acelerar el ciclo iterativo de ajustar el código y probar los resultados.

Creación de la Shiny APP

Para poder crear una shiny APP se debe tener instalado R, RStudio, y el paquete shiny. Una forma de crear la aplicación es crear un nuevo directorio con un sólo archivo llamado app.R. Este archivo especificará la interfaz de usuario así como también las funciones de R que se incluirán.

```
library(shiny)
ui<- ...
server<- ...
shinyApp(ui = ui, server = server)
```

Por lo tanto, en el archivo app.R se realizan las siguientes tareas:

- Carga el paquete shiny: `library(shiny)`
- Define la interfaz de usuario, la página web HTML con la que los usuarios interactúan.
- Especifica el comportamiento de la aplicación definiendo la función server.
- Se ejecuta función `shinyApp(ui, server)` para construir e iniciar una aplicación Shiny desde la interfaz de usuario y el servidor.

La sesión de R estará monitoreando la aplicación y ejecutando las reacciones de la aplicación mientras la aplicación Shiny esté activa, por lo que no se podrá ejecutar ningún comando.

En todo tipo de programación, es una mala práctica tener código duplicado; puede ser un desperdicio computacional y, lo que es más importante, aumenta la dificultad de mantener o depurar el código. En la secuencia de comandos R tradicional, se utilizan dos técnicas para lidiar con el código duplicado: capturar el valor usando una variable o capturar el cálculo con una función. Desafortunadamente, ninguno de estos enfoques funciona en una Shiny APP y se necesita un nuevo mecanismo: expresiones reactivas. Una expresión reactiva tiene una diferencia importante con una variable: sólo se ejecuta la primera vez que se llama y luego almacena en caché el resultado de la misma hasta que necesite actualizarse.

La programación reactiva es un estilo de programación que enfatiza valores que cambian con el tiempo, y cálculos y acciones que dependen de esos valores. Esto es importante para las aplicaciones Shiny porque son interactivas: los usuarios cambian los inputs, lo que hace que la lógica se ejecute en el servidor que finalmente resultan en actualización de los outputs/resultados.

Ver los cambios

Al crear o modificar la aplicación, se la ejecuta para poder ver los cambios realizados, por lo que el dominio de flujo de trabajo de desarrollo es especialmente importante. La

primera forma de reducir la velocidad de iteración es evitar hacer clic en el botón “Ejecutar aplicación” y, en su lugar, aprender el método abreviado de teclado `Cmd/Ctrl+ Shift+ Enter`. Esto brinda el siguiente flujo de trabajo de desarrollo:

1. Escribir un código.
2. Iniciar la aplicación con `Cmd/Ctrl+ Shift+ Enter`.
3. Experimentar interactivamente con la aplicación.
4. Cerrar la aplicación.
5. Ir a 1.

Otra forma de reducir aún más la velocidad de iteración es activar la recarga automática (`options(shiny.autoreload = TRUE)`) y luego ejecutar la aplicación en un trabajo en segundo plano. Con este flujo de trabajo cuando se guarde un archivo, su aplicación se reiniciará: no es necesario cerrarla y reiniciarla. Esto conduce a un flujo de trabajo aún más rápido:

1. Escribir un código y presione `Cmd/Ctrl+S` para guardar en el archivo.
2. Experimentar interactivamente.
3. Ir a 1.

La principal desventaja de esta técnica es que debido a que la aplicación se ejecuta en un proceso separado, es considerablemente más difícil de depurar.

De manera predeterminada, cuando ejecuta la aplicación, aparecerá en una ventana emergente. Sin embargo, existen otras dos opciones que puede elegir del menú desplegable *Run App*

1. La ejecución en el panel del visor es útil para aplicaciones más pequeñas porque puede verla al mismo tiempo que ejecuta el código de la aplicación.
2. Ejecutar en un navegador externo es útil para aplicaciones más grandes, o si desea verificar que su aplicación se ve exactamente de la manera que espera en el contexto que la mayoría de los usuarios la verán.

2. Depuración

Entre los problemas que pueden surgir al crear una Shiny app se encuentran los siguientes:

-
- Error inesperado. Este es el caso más fácil, porque obtendrá un rastreo que le permitirá averiguar exactamente de dónde proviene el error. Una vez que haya identificado el problema, deberá probar sistemáticamente su suposición hasta que encuentre una diferencia entre sus expectativas y lo que realmente está sucediendo. El depurador interactivo es una herramienta poderosa para este proceso.
 - No obtiene ningún error, pero un valor es incorrecto. Aquí, generalmente es mejor transformar esto en el primer problema utilizando `stop()` para arrojar un error cuando se produce el valor incorrecto.
 - Todos los valores son correctos, pero no se actualizan cuando espera. Este es el problema más desafiante porque es exclusivo de Shiny, por lo que no puede aprovechar sus habilidades de depuración de R.

Una vez localizado la fuente del error, la herramienta más poderosa es el depurador interactivo. El depurador detiene la ejecución y le brinda una consola R interactiva donde puede ejecutar cualquier código para descubrir qué salió mal. Hay dos formas de iniciar el depurador:

- Agregar una llamada a la función `browser()` en código fuente. Esta es la forma estándar de R de iniciar el depurador interactivo, y funcionará sin embargo, se está ejecutando brillante.
- Agregar un punto de interrupción RStudio haciendo clic a la izquierda del número de línea. Puede eliminar el punto de interrupción haciendo clic en el círculo rojo. La ventaja de los puntos de interrupción es que no son código, por lo que nunca tendrá que preocuparse por registrarlos accidentalmente en su sistema de control de versiones.

3.3.2. Compartiendo una Shiny Web App

Una vez creada la aplicación, resulta conveniente ponerlas a disposición de los usuarios. En este caso la Shiny Web App encuentra disponible en el servidor de CONICET www.cefobi.com. Además el proyecto se encuentra en GitHub https://github.com/jangelini/shinyAPP_geneticae.

Capítulo 4

Resultados

4.1. Paquete de R *geneticae*

El paquete *geneticae* permite analizar datos provenientes de etapas avanzadas de los programas de mejoramiento, donde se evalúan pocos genotipos en diversos ambientes.

Una vez instalado el paquete, se debe cargar en la sesión de R mediante el comando: `library(geneticae)`. Información detallada sobre las funciones del paquete *geneticae* se puede obtener mediante `help(package = “geneticae”)`. La ayuda para una función, por ejemplo `imputation()`, en una sesión R se puede obtener usando `?imputation` o `help(imputation)`. Además, a partir de la función `browseVignettes(“geneticae”)` se obtiene la viñeta del paquete, es decir una descripción del problema que está diseñado para resolver así como ejemplos de aplicación del mismo.

4.1.1. Conjuntos de datos en *geneticae*

El paquete *geneticae* proporciona dos conjuntos de datos que permiten ilustrar la metodología incluida para analizar los datos obtenidos de EMA.

- *yan.winterwheat dataset*: rendimiento de 18 variedades de trigo de invierno cultivadas en nueve ambientes en Ontario en 1993. A pesar de que el experimento contaba con cuatro bloques o réplicas en cada ambiente, el conjunto de datos se obtuvo del paquete *agridat* (Wright, 2018) donde solamente se encuentran disponibles las medias por variedad, como se muestra a continuación:


```
data(yan.winterwheat)
yanwinterwheat <- yan.winterwheat
head(yanwinterwheat)
```

```
##   gen  env yield
## 1 Ann BH93 4.460
## 2 Ari BH93 4.417
## 3 Aug BH93 4.669
## 4 Cas BH93 4.732
## 5 Del BH93 4.390
## 6 Dia BH93 5.178
```

- *plrv dataset*: rendimiento, peso de planta y parcela de 28 clones de la población del virus del enrollamiento de la papa (PLRV) evaluada en seis ambientes. Cada clon fue evaluado tres veces en cada ambiente. El conjunto de datos se obtuvo del paquete *agricolae* (de Mendiburu, 2019).

```
data(plrv)
plrv <- plrv
head(plrv)
```

```
##   Genotype Locality Rep WeightPlant WeightPlot   Yield
## 1   102.18    Ayac   1   0.5100000      5.10 18.88889
## 2   104.22    Ayac   1   0.3450000      2.76 12.77778
## 3   121.31    Ayac   1   0.5425000      4.34 20.09259
## 4   141.28    Ayac   1   0.9888889      8.90 36.62551
## 5   157.26    Ayac   1   0.6250000      5.00 23.14815
## 6   163.9     Ayac   1   0.5120000      2.56 18.96296
```

4.1.2. Funciones en *geneticae*

Modelo de regresión por sitio

Para ejecutar la función `GGEmodel()`, se debe proporcionar un conjunto de datos con genotipos, ambientes, repeticiones (si hay disponibles), el fenotipo observado y los nombres que dichas variables tienen en el archivo de entrada. Además, se debe indicar el método de centrado, escala y SVD.

Para el conjunto de datos *yan.winterwheat* el modelo GGE se indica de la siguiente manera:

```
GGE1 <- GGEmodel(yanwinterwheat, genotype = "gen", environment = "env", response  
= "yield", centering = "tester")
```

A diferencia de *yan.winterwheat*, para *plr dataset* se debe indicar la opción *rep*. La salida de la función `GGEmodel()` es una lista que contiene las coordenadas para genotipos y para los ambientes de todas las componentes, el vector de valores propios de cada componente, la variancia total, el porcentaje de variancia explicada por cada componente, entre otros.

Biplot GGE

El biplot GGE aborda visualmente muchos problemas relacionados con la evaluación de los genotipo y ambientes de prueba. En el caso de repeticiones disponibles en el conjunto de datos, la función calcula el valor fenotípico promedio para cada combinación de genotipo y ambiente. Los valores faltantes no están permitidos, en caso de haber un error saldrá en la consola de R. Para ejecutar la función `GGEPlot()`, se requiere un objeto de la clase `GGEmodel()`. La salida es un biplot construido a través de las dos primeras componentes principales generados por `GGEmodel()`. Los diferentes biplots que se pueden obtener usando la función `GGEPlot()` se muestran usando el conjunto de datos *yan.winterwheat*. En caso de contar con réplicas, se debe indicar el nombre de la columna que contiene las mismas en el archivo de entrada.

■ *Biplot básico*

En la figura 4.1 se presenta un biplot básico, donde los cultivares se muestran en minúscula, para diferenciarlos de los ambientes, que están en mayúsculas. La primer componente principal se usa como la abscisa y la segunda como ordenada. El método de centrado, escala y SVD utilizado, y el porcentaje $G + GE$ explicado por los dos ejes se encuentra en la nota al pie del biplot. El biplot explica el 78 % de la variabilidad total de $G + GE$.

GGEPlot(GGE1, type = "Biplot")

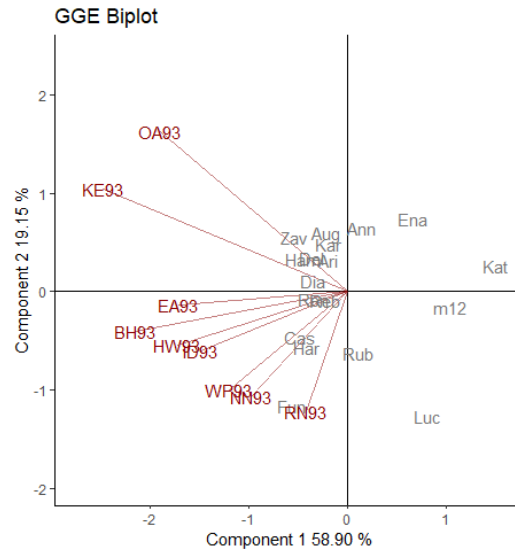


Figura 4.1: Biplot básico obtenido de la función `GGEPlot()`

■ Rendimiento de los cultivares en un ambiente determinado

Los mejoradores en general están interesados en identificar los cultivares más adaptados a su área. Para identificar los mejores genotipos en un ambiente a través del biplot GGE, Yan y Hunt (2002) sugieren constituir un eje del ambiente, por ejemplo OA93, trazando una recta que pase por el identificador del ambiente y el origen. Los genotipos se pueden clasificar de acuerdo con sus proyecciones en el eje OA93 en función de su rendimiento en dicho ambiente, en la dirección indicada por la flecha (Figura 4.2). Por lo tanto, el cultivar de mayor rendimiento fue es Zav seguido por Aug, Ham, y así sucesivamente hasta llegar al genotipo Luc, que es el de rendimiento mas bajo en ese ambiente. La línea que pasa a través del origen de coordenadas y es perpendicular al eje OA93 separa los genotipos que rindieron por encima de la media, de Zav a Cas, de aquellos que rindieron por debajo de la media, de Ema a Luc, en OA93.

```
GGEPlot(GGE1, type = "Selected Environment", selectedE = "OA93")
```

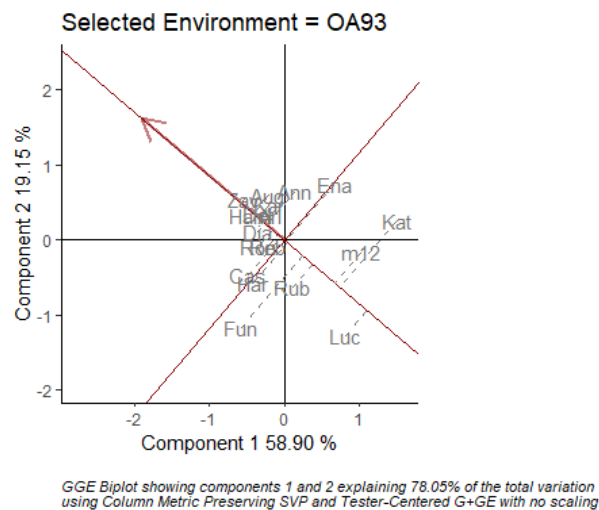


Figura 4.2: Ranking de cultivares para un ambiente determinado obtenido de la función `GGEPlot()`

- *Adaptación relativa de un cultivar dado en diferentes ambientes*

Otro interés de los fitomejoradores es determinar cuál es el ambiente más adecuado para un cultivar. La figura 4.3 ilustra cómo visualizar la adaptación relativa del cultivar Luc en diferentes ambientes. Yan y Hunt (2002) sugieren graficar una línea que una el origen de coordenadas y el marcador de Luc, el cual llamaremos eje Luc. Los ambientes se clasifican a lo largo del eje Luc en la dirección indicada por la flecha. La línea que pasa por el origen y es perpendicular al eje de Luc separa los ambientes en los que Luc presentó un rendimiento por debajo de su promedio, OA93 a ID93, de aquellos en los que rindió por encima de la media, RN93 a WP93.

```
GGEPlot(GGE1, type = "Selected Genotype", selectedG = "Luc")
```

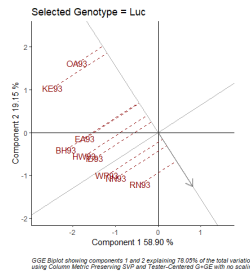


Figura 4.3: Ranking de ambientes para cultivar determinado obtenido de la función `GGEPlot()`

■ Comparación entre los genotipos Rub y Zav

Para comparar dos cultivares, por ejemplo Rub y Zav, se propone unir mediante una línea recta los genotipos a comparar, luego trazar una línea que pase por el origen y que sea perpendicular a la línea que une a los genotipos. (figura 4.4). Se observa que tres ambientes, RN93, NN93 y WP93, se encuentran del mismo lado de la línea perpendicular que Rub, y los otros seis ambientes están en el otro lado de la línea perpendicular, junto el marcador del cultivar Zav. Esto indica que Rub fue mas rendidor que Zav en RN93, NN93 y WP93, pero Zav fue superior a Rub en los seis ambientes restantes.

```
GGEPlot(GGE1, type = "Comparison of Genotype", selectedG1 = "Rub", selectedG2 = "Zav")
```

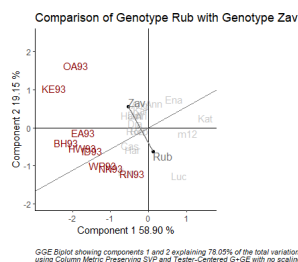


Figura 4.4: Comparación entre dos genotipos obtenido de la función `GGEPlot()`

■ *Identificación del mejor cultivar en cada ambiente*

La vista poligonal del biplot GGE, documentado por primera vez en Yan (1999), proporciona un medio eficaz de visualización del patrón “quién ganó dónde” de un conjunto de datos EMA (Figura 4.5). El polígono se dibuja uniendo los cultivares (fun, zav, ena, kat y luc) que se encuentran más alejados del origen de coordenadas, de modo que todos los cultivares se encuentren contenidos en el polígono. Los cultivares de vértice son aquellos con vectores más largos, en sus respectivas direcciones, la cual es una medida de la capacidad de respuesta a los ambientes.

Las líneas perpendiculares a los lados del polígono dividen el biplot en megaambientes, cada uno de ellos tiene un cultivar de vértice, el de mayor rendimiento en todos los ambientes que se encuentran en él. Por un lado, se observa que OA93 y KE93 se encuentran en el mismo sector y que Zav es el mejor cultivar. Otro sector está formado por el resto de los ambientes, siendo Fun el cultivar que se encuentra en el vértice de dicho sector. En los sectores con ena, kat y luc en los vértices no se observó ningún ambiente. Esto indica que estos cultivares fueron los menos rendidores en algunos o todos los ambientes considerados.

Se requieren dos criterios para sugerir la existencia de diferentes megaambientes (Gauch and Zobel, 1997). Primero, diferentes variedades superiores en los diferentes ambientes estudiados; en segundo lugar, la variación entre grupos debería ser significativamente mayor


```
GGEPlot(GGE1, type = "Mean vs. Stability")
```

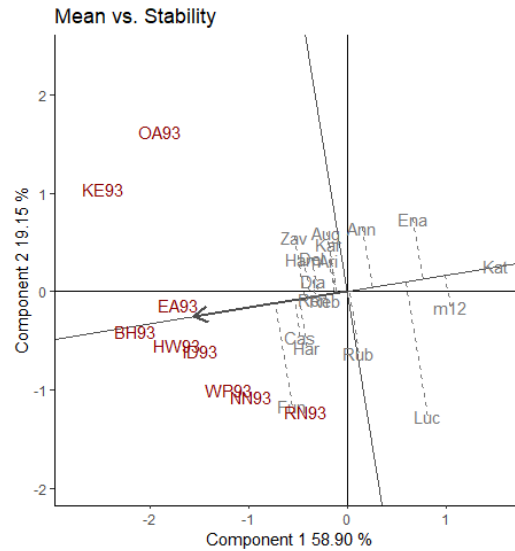


Figura 4.6: Evaluación de los cultivares con base en el rendimiento promedio y la estabilidad a partir de la función `GGEPlot()`

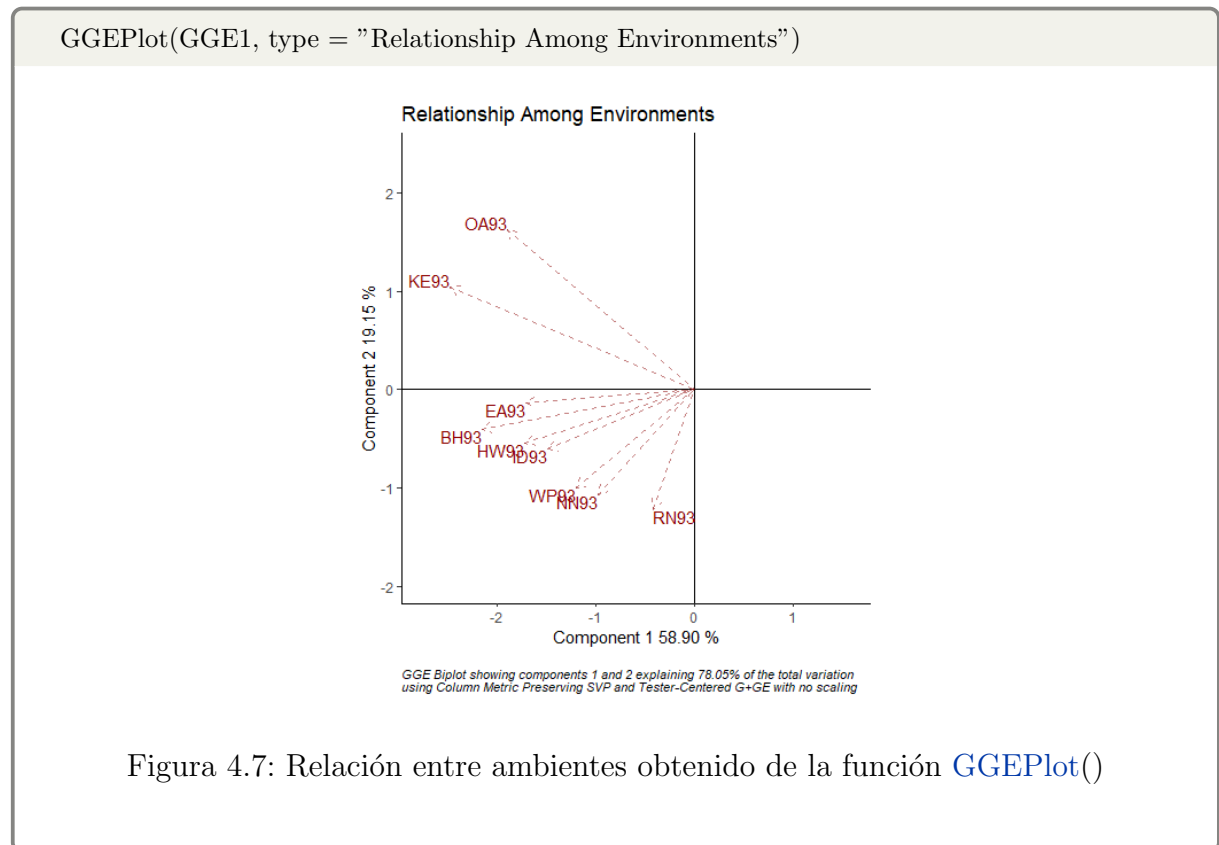
■ Relación entre ambientes

A pesar de que los EMA se realizan para evaluar cultivares, son igualmente útiles para evaluar los ambientes estudiados. La evaluación del ambiente incluye diversos aspectos: (i) ver si la región objetivo pertenece a un solo o varios megaambientes; (ii) identificar mejores ambientes de prueba; (iii) identificar ambientes redundantes que no brindan información adicional sobre los cultivares; (iv) identificar ambientes que pueden usarse para la selección indirecta.

En la figura 4.7 se observa que los ambientes están conectados con el origen de coordenadas a través de vectores, permitiendo comprender las interrelaciones entre los distintos ambientes. El coseno del ángulo entre los vectores de dos ambientes se aproxima al coeficiente de correlación entre ellos. Por ejemplo, NN93 y WP93 tienen un ángulo de aproximadamente 10° entre sus vectores; por lo tanto, se encuentran estrechamente relacionados; mientras que RN93 y OA93 presentan correlaciones leves y negativas ya que el ángulo supera los 90° . El coseno de los ángulos no se traduce con precisión en coeficientes de correlación, ya que el biplot no explica toda la variación en el conjunto de datos. Sin embargo, los ángulos son lo suficientemente informativos como para permitir una imagen completa sobre la interrelación entre el entorno de prueba.

Por otro lado, la Figura 4.7 ayuda a identificar ambientes redundantes. Si algunos de los ambientes tienen ángulos pequeños y, por lo tanto, están altamente correlacionados,

la información sobre los genotipos obtenidos de estos ambientes debe ser similar. Si esta similitud es repetible a través de los años, estos ambientes son redundantes y por lo tanto, uno solo debería ser suficiente. Obtener la misma o mejor información utilizando menos ambientes reducirá el costo y aumentará la eficiencia de producción.



- *Evaluación de los ambientes basados tanto en la capacidad de discriminación como en la representatividad*

La capacidad de discriminación es una medida importante de un ambiente, ya que si no tiene dicha capacidad no proporciona información sobre los cultivos y, por lo tanto, el ambiente carece de utilidad. Otra medida igualmente importante de un ambiente es su representatividad del ambiente objetivo, ya que si no es representativo no solo que carece de utilidad sino que también puede proporcionar información sesgada sobre los cultivos evaluados

La representatividad de un ambiente es difícil de medir, ya que no es posible muestrear todos los ambientes posibles dentro de un megaambiente y, posteriormente, determinar la representatividad de cada uno en forma individual. Mediante el biplot, la manera de medir la representatividad es definir un entorno promedio y usarlo como referencia. **FALTA**

GGEPlot(GGE1, type = "Discrimination vs. representativeness")

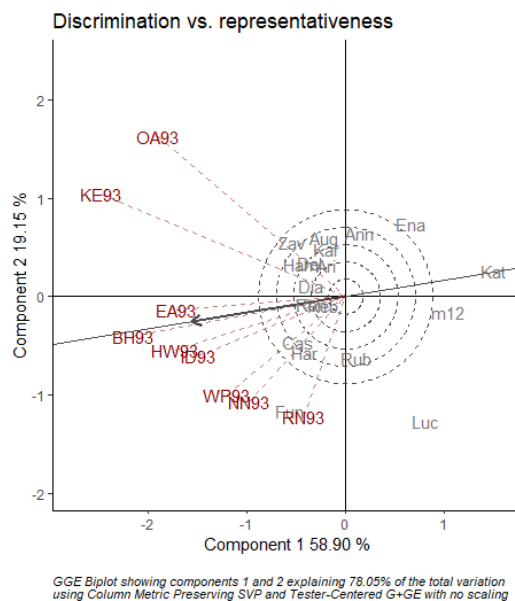


Figura 4.8: Evaluación de los ambientes basados tanto en la capacidad de discriminación y representatividad a partir de la función `GGEPlot()`

- *Clasificación de ambientes con respecto al ambiente ideal* figu 4.9

GGEPlot(GGE1, type = "Ranking Environments")

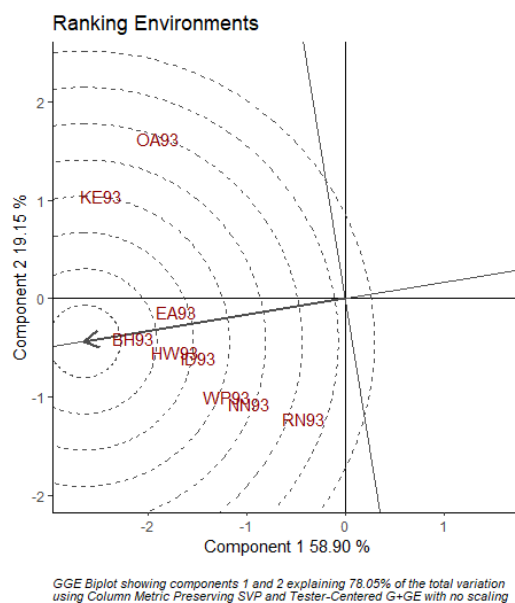
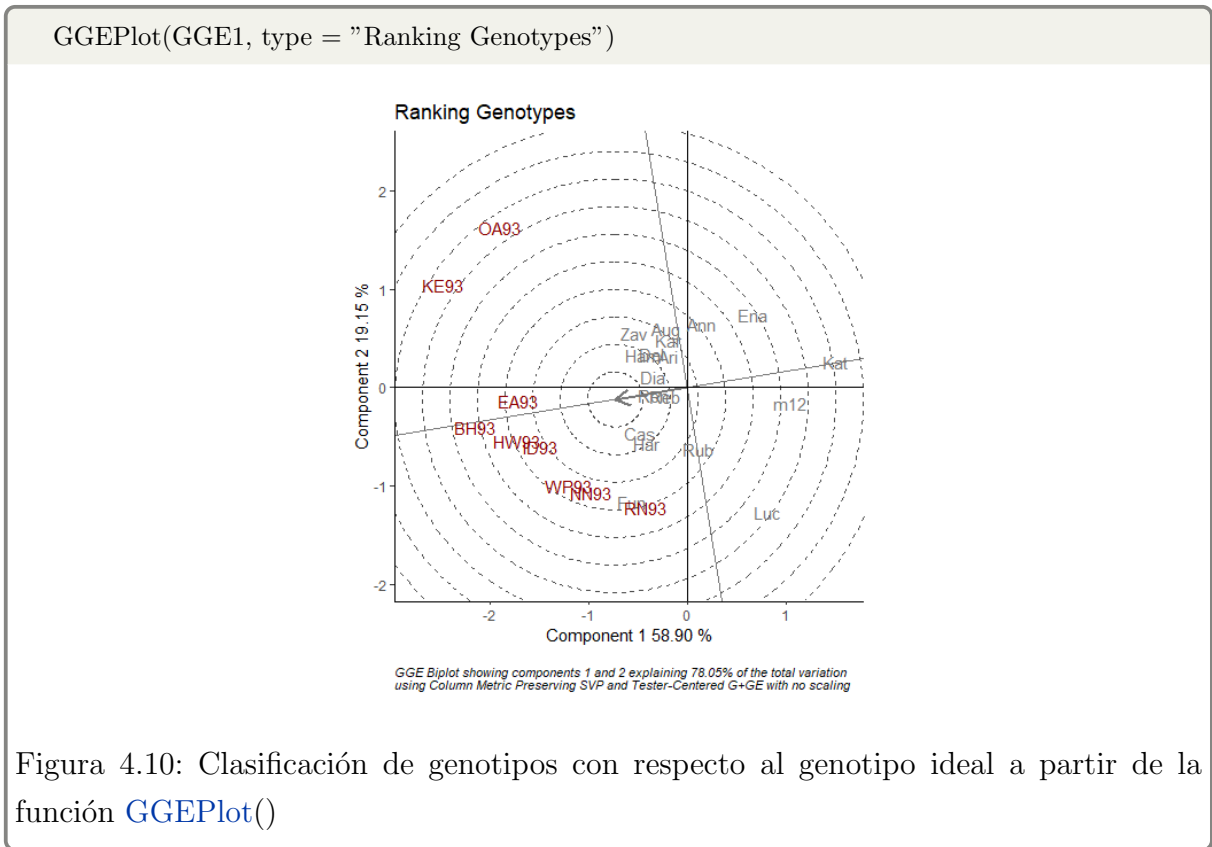


Figura 4.9: Clasificación de ambientes con respecto al ambiente ideal a partir de la función `GGEPlot()`

- Clasificación de genotipos con respecto al genotipo ideal
figu 4.10



Classic AMMI model

Para ejecutar la función `rAMMI()`, en forma análoga a `GGEmodel()`, se debe proporcionar un conjunto de datos con genotipo, entorno, repeticiones (si las hay) y la variable de respuesta. Se debe indicar el nombre de las columnas que contienen cada una de estas variables en el conjunto de datos de entradas. La salida de la función es un biplot.

El biplot clásico para el conjunto de datos *yan.winterwheat* se muestra en la 4.7 junto con la sentencia utilizada para obtener el mismo. Para el caso del conjunto de datos *plrv* se debe agregar la opción `rep` debido a la presencia de repeticiones en el mismo. Se observa que la magnitud de los vectores de los ambientes BH93, KE93 y OA93 es mayor a la de los demás ambientes, es decir que son los que más contribuyen a la interacción. La cercanía de los marcadores de los genotipos m12 y Kat indica que esos genotipos tienen patrones de interacción similares, y a la vez, muy distintos a los de los genotipos Ann y Aug. Del biplot también se destacan las cercanías entre el genotipo Día y el ambiente BH93 lo que indica, debido a la gran distancia al origen, una fuerte asociación positiva entre el genotipos y el ambientes, es decir, es un ambiente muy favorable para ese genotipo. Entre las altas asociaciones negativas se puede mencionar a la del ambiente OA93 con el genotipo Luc (marcadores opuestos en el biplot) y se interpreta que ese ambiente es

considerablemente desfavorable para ese genotipo. También se observa que los genotipos Cas y Reb están próximos al origen, lo que quiere decir que se adaptan en igual medida a todos los ambientes.

```
rAMMI(yanwinterwheat, genotype = "gen", environment = "env", response = "yield", type = "AMMI")
```

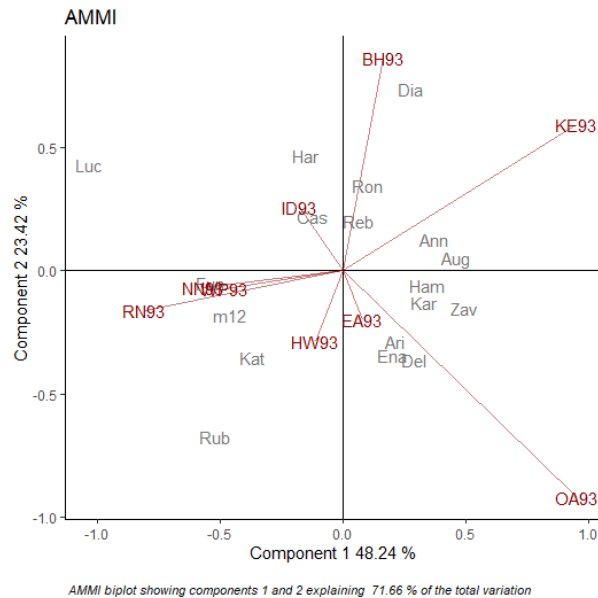


Figura 4.11: Biplot GE obtenido del modelo clasico AMMI

Robust AMMI model

Los biplots de los cinco modelos AMMI robustos propuestos por Rodrigues et al. (2015) que permiten superar el problema de la contaminación de datos con observaciones atípicas, se pueden obtener utilizando la función `rAMMI()`. Dado que el conjunto de datos *yan.winterwheat* no presentan observaciones muy diferentes del resto, sus interpretaciones no daran lugar a conclusiones muy diferentes de las realizadas con el biplot clásico, siendo el modelo `rAMMI` el que proporciona resultados más similares seguidos por `hAMMI` (Rodrigues, 2015), y por lo tanto carece de sentido interpretar dichos biplots. A continuación se muestran la sentencia que permite obtener el modelo robusto `rAMMI`, para el resto de los modelos probados por Rodrigues et al. (2015), en la opción `type` de la función se debe indicar cuál de ellos se desea graficar (`"rAMMI"`, `"hAMMI"`, `"gAMMI"`, `"lAMMI"`, `"ppAMMI"`)

```
rAMMI(yanwinterwheat, genotype = "gen", environment = "env", response = "yield", type = "rAMMI")
```

Métodos de imputación

Una limitación importante de los modelos presentados anteriormente es que requieren una que el conjunto de datos este completo. Por lo tanto, en el paquete se incluyen una serie de metodologías propuestas, algunas de las cuales no se encuentran disponible en R, para superar el problema de las observaciones perdidas.

Para imputar un conjunto de datos la función que se muestra a continuación se encuentra disponible en el paquete. Es posible elegir el método de imputación a utilizar al cambiar el argumento de la función `type`, entre los cuales se encuentran: “EM-AMMI”, “EM-SVD”, “Gabriel”, “WGabrielz” “EM-PCA”.

```
imputation(yanwinterwheat, PC.nb = 2, genotype = "gen", environment = "env", response
           = "yield", type = "EM-AMMI")
```

4.2. Geneticae Shiny Web App

La aplicación Geneticae permite a los usuarios realizar muchos de los análisis incluidos en el paquete geneticae, sin necesidad de conocer el lenguaje de programación R. La misma se organiza en las siguientes pestañas:

- Los datos
- Análisis descriptivo
- ANOVA
- Biplot GGE
- Biplot GE
- Ayuda

4.2.1. Los datos

Al iniciar la aplicación Geneticae, se muestra una pantalla en la cual se carga el conjunto de datos a analizar. La aplicación admite archivos con extensión .csv, delimitados por coma o punto y coma; con el siguiente formato:

- Cada fila contiene la información de cada cultivar: nombre del cultivar, ambiente, repetición si está disponible y valor fenotípico medido. Pueden estar presentes otras variables/valores fenotípicos que no serán utilizadas por la aplicación.
- La primera fila de encabezado contiene los nombres de cada variable. No existen restricciones para los nombres de las variables ya que los mismos deben indicarse al cargar el archivo de datos.
- El número de repeticiones puede diferir con los genotipos y los ambientes.

Se utilizan dos conjuntos de datos, incluidos en el paquete geneticae, para ilustrar la aplicación. Estos conjuntos de datos, uno de los cuales tiene repeticiones (plr dataset)

y el otro no (yanwinterwheat dataset), los cuales se pueden ver y descargar, para poder reproducir la ayuda de la APP, en la pestaña *The data* → *Example datasets* (Figura 4.12,4.13).

The screenshot shows the Geneticae APP interface. The top navigation bar is orange and contains the app name 'Geneticae APP' and several menu items: 'The data', 'Descriptive analysis', 'Analysis of variance', 'GGE Biplot', 'AMMI Biplot', and 'Help'. Below the navigation bar, there are two tabs: 'User data' and 'Examples dataset'. The 'Examples dataset' tab is active, showing a table titled 'Dataset example without repetitions'. The table has three columns: 'gen', 'env', and 'yield'. The data rows list various wheat genotypes (Ann, Ari, Aug, Cas, Del, Dia, Ena, Fun, Ham, Har, Kar, Kat, Luc) and their corresponding environments (all BH93) and yields. On the left side of the 'Examples dataset' tab, there are two sections: 'Example without repetitions' and 'Example with repetitions'. Each section has a 'Show' button, a 'Download sample dataset' button, a 'File name' input field, and a download button with a file icon.

gen	env	yield
Ann	BH93	4.460
Ari	BH93	4.417
Aug	BH93	4.669
Cas	BH93	4.732
Del	BH93	4.390
Dia	BH93	5.178
Ena	BH93	3.375
Fun	BH93	4.852
Ham	BH93	5.038
Har	BH93	5.195
Kar	BH93	4.293
Kat	BH93	3.151
Luc	BH93	4.104

Figura 4.12: yannerwinterwheat dataset disponible en Shiny Web App

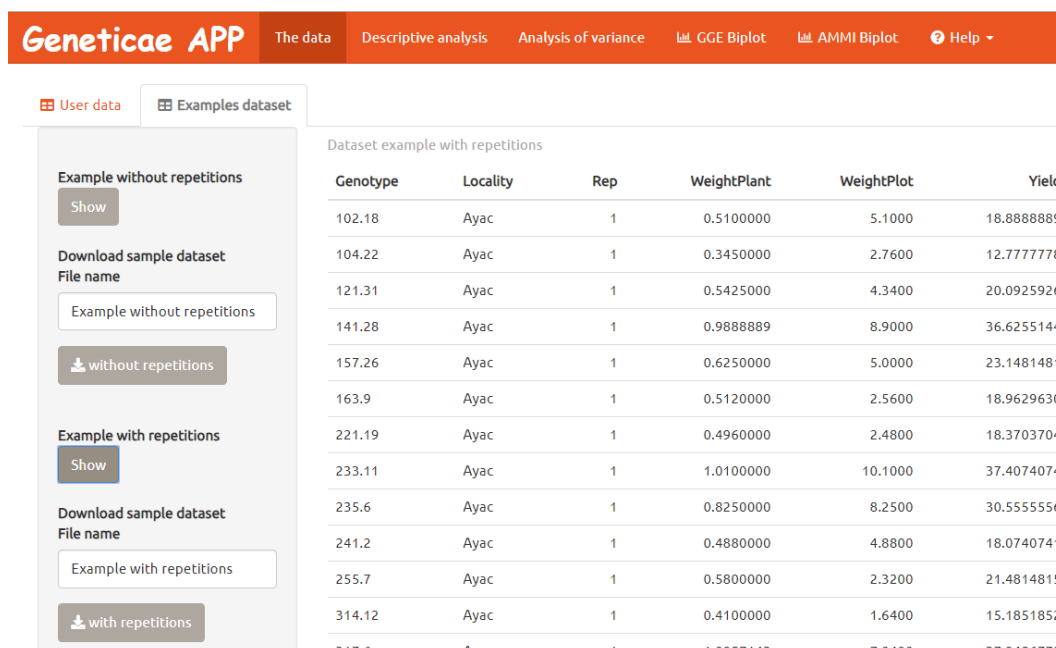


Figura 4.13: plrv dataset disponible en Shiny Web App

lo del paquete esta todo hecho para el conjunto de datos yan... lo de la shiny deberia hacerse para el mismo conjunto de datos

4.2.2. Análisis descriptivo

El menú *Descriptive analysis* permite describir un conjunto de datos utilizando diagrama de caja (o *boxplot*), gráfico y matriz de correlación y gráfico de interacción. Los gráficos obtenidos pueden ser descargados en distintos formatos.

4.2.2.1. *Boxplot*

Un boxplot interactivo que compara el caracter cuantitativo de interés a través de genotipos o a través de los ambientes se puede obtener (Figura 4.14,4.15). Las medidas resumenes se pueden obtener en forma interactiva usando el *Toggle Spike Lines* como se muestra en la figura 4.14. Estos gráficos se pueden descargar en formato interactivo (.HTML) a partir del boton *Download* (Figura 4.14 y 4.15), así como también en formato .png como se muestra en la Figura 4.15.

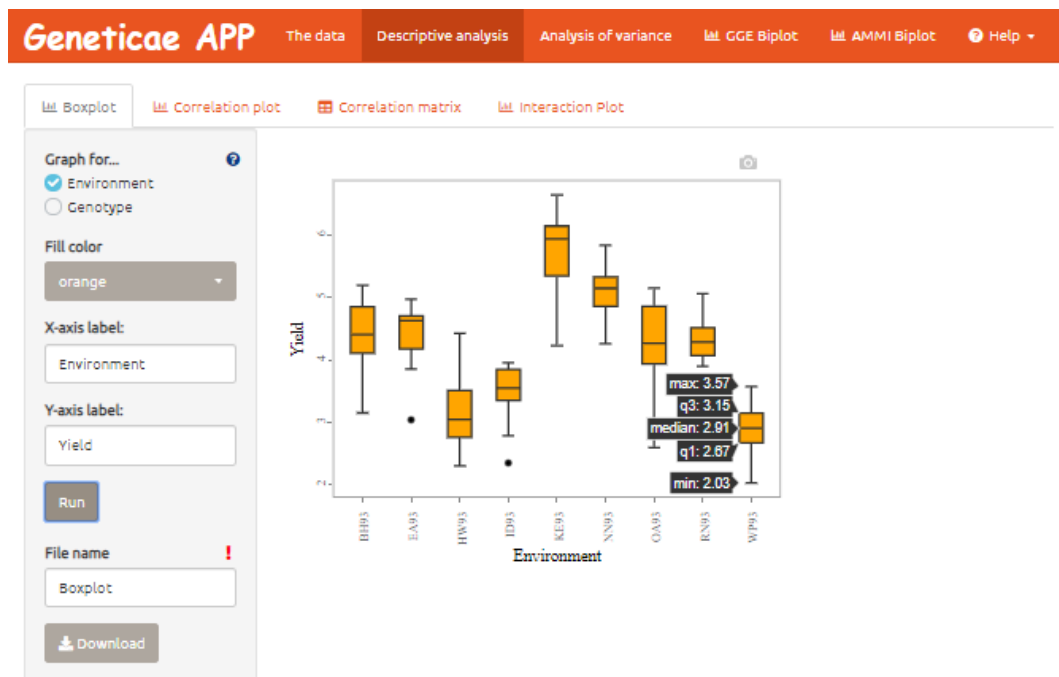


Figura 4.14: Boxplot de ambientes a través de los genotipos para el conjunto de datos Plrv

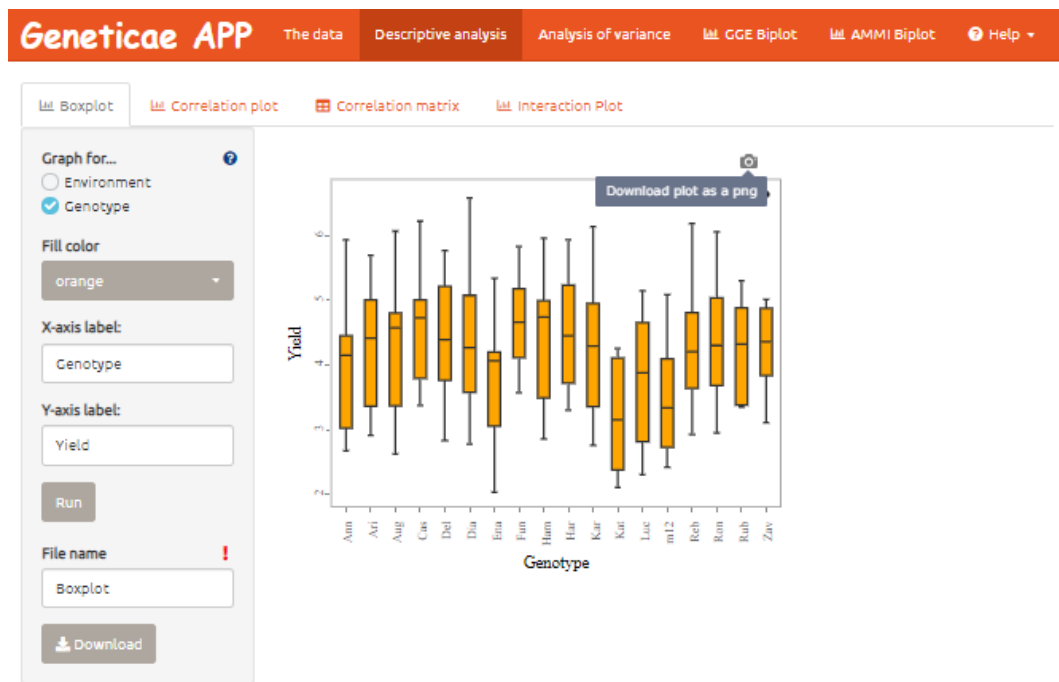


Figura 4.15: Boxplot de genotipos a través de los ambientes para el conjunto de datos Plrv

4.2.2.2. Gráfico y matriz de correlación

El correlograma o gráfico de correlación muestra la correlación tanto entre los genotipos como entre los ambientes (Figura 4.16 y 4.17). Se pueden representar las correlaciones de Pearson y Spearman. Las correlaciones positivas se muestran en azul y las negativas en rojo. La intensidad del color y el tamaño del círculo son proporcionales a los coeficientes de correlación.

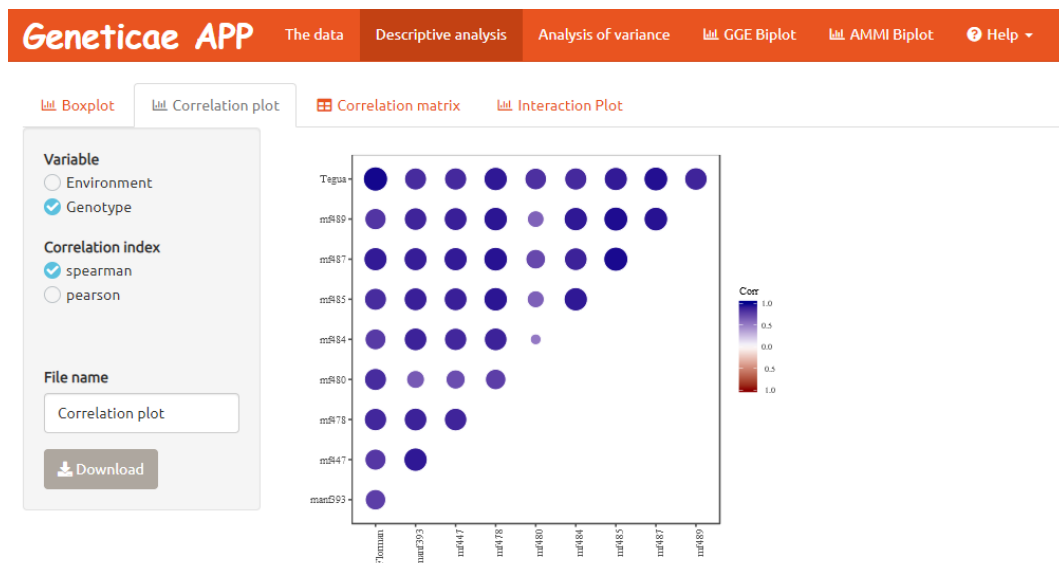


Figura 4.16: Boxplot de genotipos a través de los ambientes para el conjunto de datos Plrv

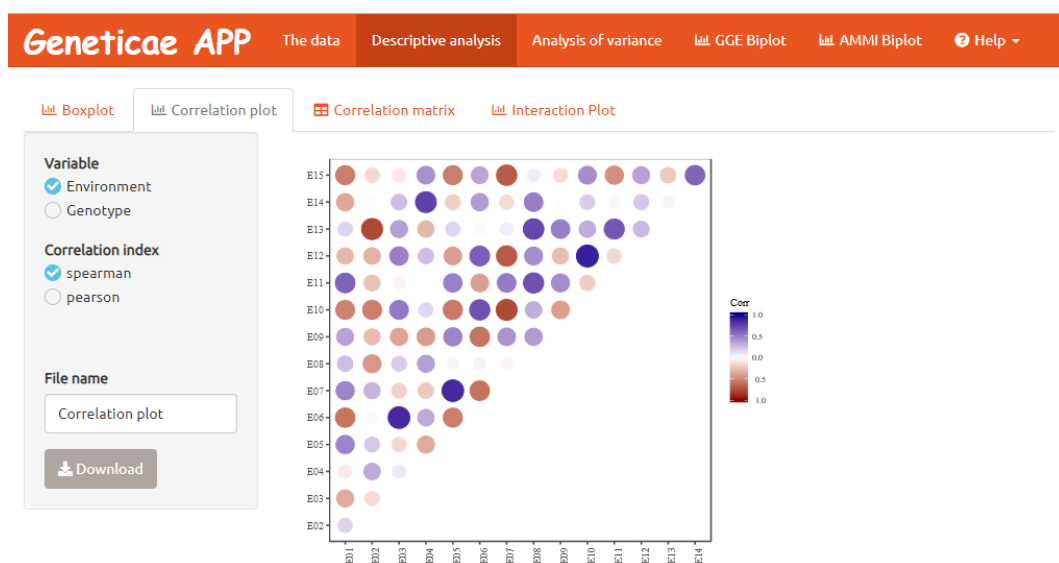


Figura 4.17: Boxplot de ambientes a través de los genotipos para el conjunto de datos Plrv

La matriz de correlación muestra los coeficientes de correlación de Pearson o Spearman,

segun se solicite, para todos los pares de ambientes o genotipos. Las correlaciones de Spearman o Pearson se pueden calcular tanto para ambientes como para genotipos (Figura 4.18).

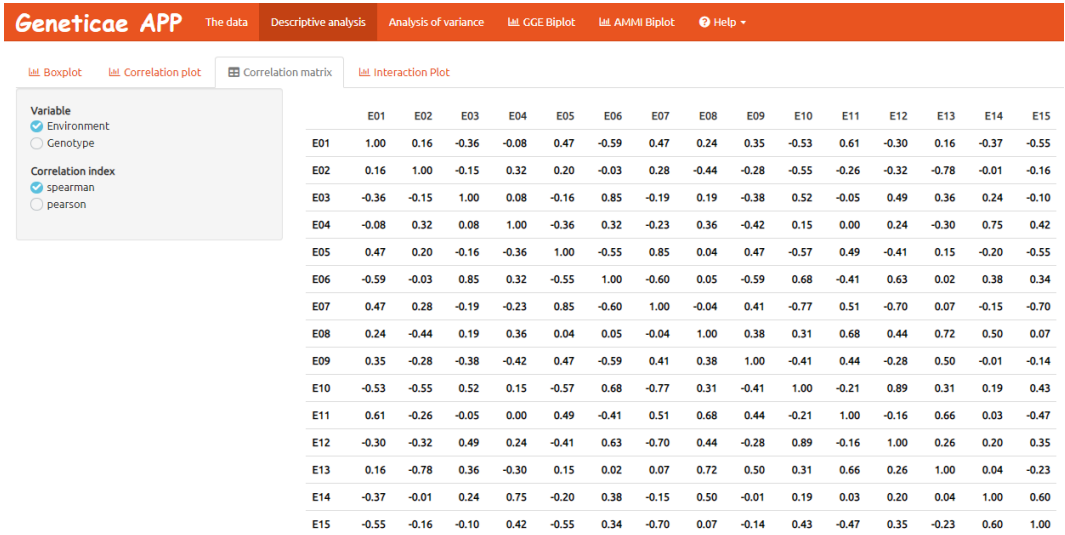


Figura 4.18: Boxplot de genotipos a través de los ambientes para el conjunto de datos Plrv

4.2.2.3. Gráfico de interacción

Las inconsistencias en el rendimiento de los genotipo en diferentes amientes complican la tarea de los fitomejoradores ya que no existe un genotipo superior en todos los ambientes estudiados. En tales situaciones, se pueden buscar genotipos que se desempeñen de manera relativamente consistente en los ambientes, genotipos estables o ampliamente adaptados, o elegir diferentes genotipos específicamente adaptados para diferentes ambientes.

El cambio en el efecto genotípico a través de los ambientes o el cambio en el efecto ambiental a través de los genotipos se puede observar en los gráficos de interacción (Figura 4.23,??). Es posible descargarlo en formato interactivo (.HTML) a partir del boton *Download* (Figura 4.23), así como también en formato .png como se muestra en la Figura ??.



Figura 4.19: Boxplot de genotipos a través de los ambientes para el conjunto de datos Plrv

4.2.3. Análisis de la variancia

La variación fenotípica se puede explicar a partir de los efectos del ambiente, genotipo e interacción genotipo por ambiente, cuya significancia se prueba con un ANOVA. Si únicamente los efectos de G y A resultan significativos (es decir, sin interacción), la interacción debe ser ignorada y los biplots carecen de sentido.

Si el conjunto de datos tiene repeticiones entonces saldrá un mensaje en el cual se aclara que la interacción puede ser testada debido a la presencia de repeticiones (“The interaction effect can be tested since there are repetitions in the data set”), si se cuenta con una única réplica entonces el mensaje será que la interacción no puede testarse. Analizando el conjunto de datos *plrv*, se concluye que existe IGA (Figura 4.23).

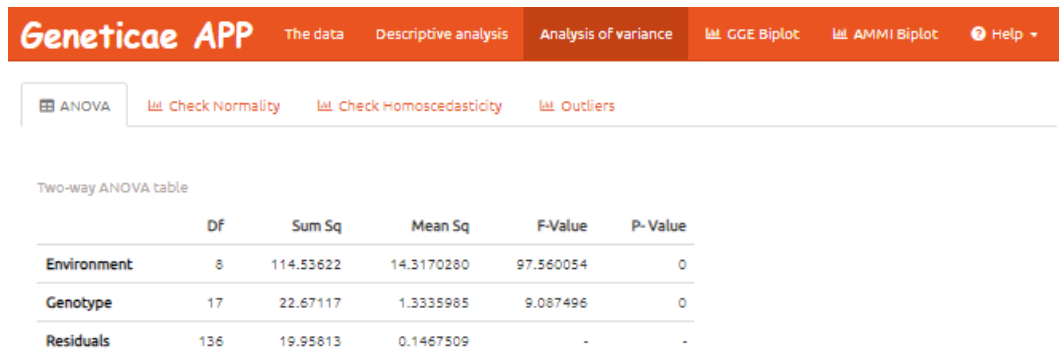


Figura 4.20: Boxplot de genotipos a través de los ambientes para el conjunto de datos Plrv

La validez de las conclusiones del ANOVA depende del cumplimiento de los supuestos de que los errores tengan distribución normal con media cero y variancia constante. Tres pestañas de la aplicación: *Check normality*, *Check homoscedasticity* y *Outliers* permiten verificar los supuestos mencionados.

Para verificar el supuesto de normalidad, se puede realizar un histograma, un gráfico de probabilidad normal y la prueba de shapiro-wilks sobre los residuos del ANOVA (Figura 4.23).

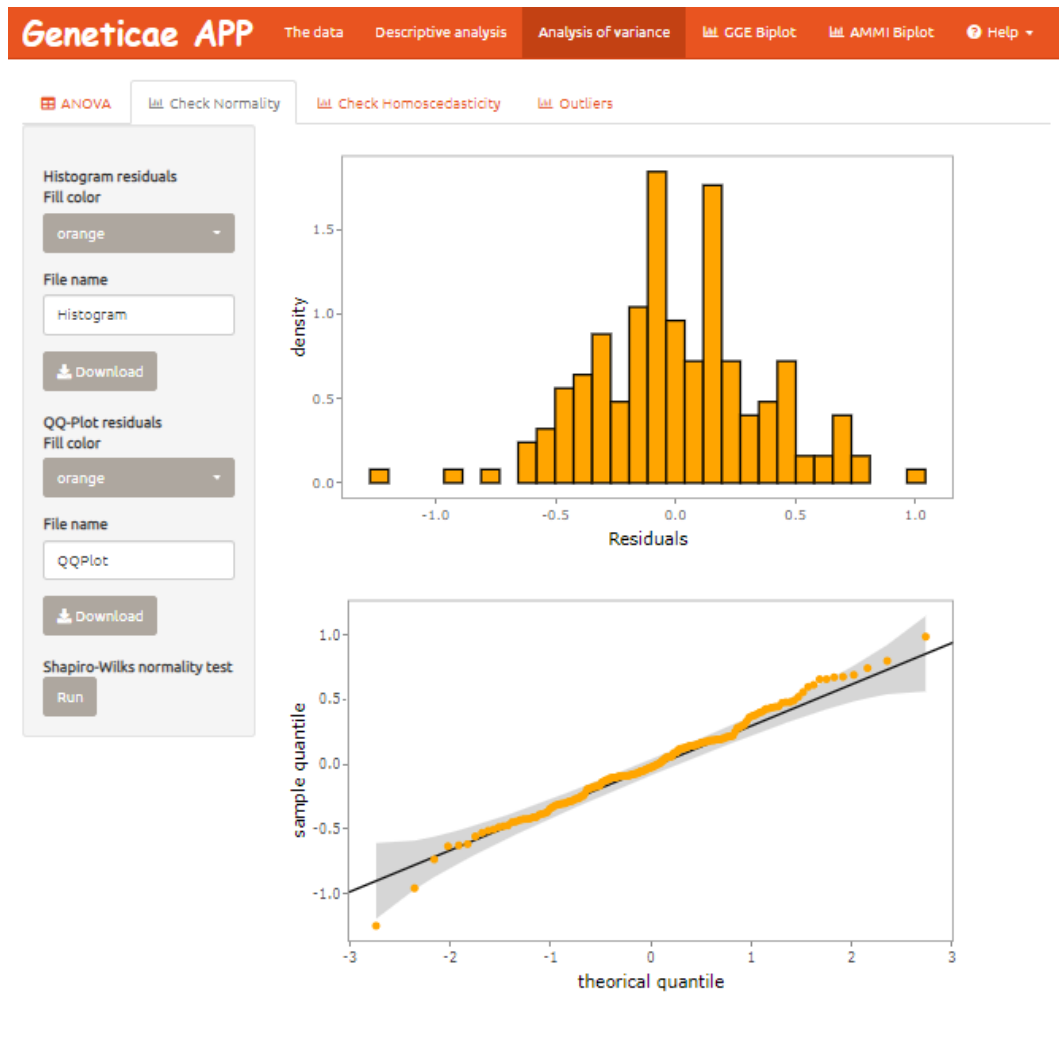


Figura 4.21: Boxplot de genotipos a través de los ambientes para el conjunto de datos Plrv

El grafico de residuos vs. valores predichos y las pruebas de levene permiten verificar el supuesto de variancia constante u homocedasticidad (Figura 4.23).

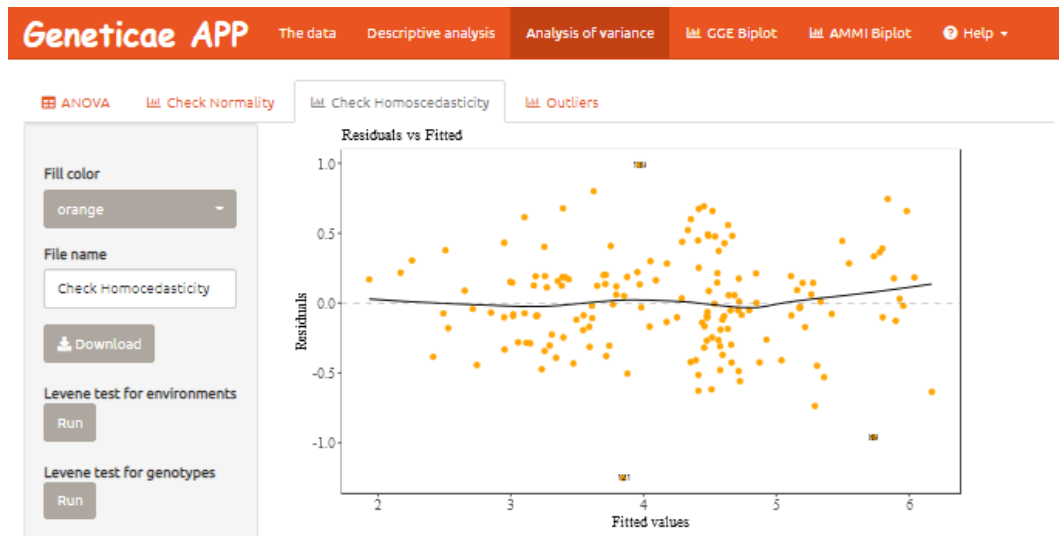


Figura 4.22: Boxplot de genotipos a través de los ambientes para el conjunto de datos Plrv

Por último, la presencia de observaciones atípicas u outliers provoca que el ANOVA no de buenos resultados, un grafico para detectar outliers es posible realizarlo(Figura 4.23).

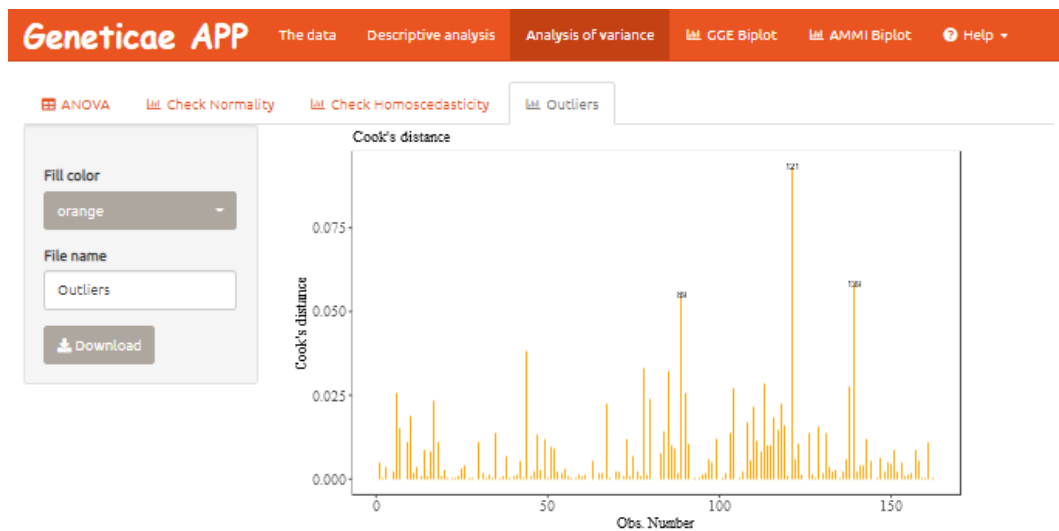


Figura 4.23: Boxplot de genotipos a través de los ambientes para el conjunto de datos Plrv

4.2.4. Biplots

4.2.4.1. GGE

Dada la importancia del biplot GGE en muchos problemas relacionados con la evaluación de los genotipo y ambientes de prueba, se incluyen en la aplicación web el biplot básico y aquellos que permiten: identificar el mejor cultivar en cada ambiente, evaluación de los cultivares con base en el rendimiento promedio y la estabilidad, relación entre ambientes, los ambientes basados tanto en la capacidad de discriminación como en la representatividad, clasificación de ambientes con respecto al ambiente ideal y clasificación de genotipos con respecto al genotipo ideal.

4.2.4.2. GE

Tanto el biplot clásico como los robustos pueden obtenerse a partir de la aplicación shiny.

En ambos biplots (figura ... y ...) es posible personalizar algunos atributos estilísticos para que el usuario obtenga la salida a su gusto. A su vez, los gráficos obtenidos pueden ser descargados.

Capítulo 5

Conclusiones

Bibliografía

R.W. Allard. *Principios de la mejora genética de las plantas*. Ediciones Omega, 1967.

J. Crossa, H.G. Gauch, y R.W. Zobel. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Science*, 30:493–500, 1990.

H.G. Gauch y R.W. Zobel. Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Science*, 37:311—326, 1997.

W. Hadley, J. Hester, y W. Chang. *devtools: Tools to Make Developing R Packages Easier*, 2019. URL <https://CRAN.R-project.org/package=devtools>. R package version 2.1.0.