

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”  
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS  
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**MODELOS MISTOS NA AVALIAÇÃO E ORDENAÇÃO DE  
GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR, COM E SEM  
EFEITOS DE COMPETIÇÃO COM PARCELAS VIZINHAS.**

**Liliam Silvia Candido**  
Bióloga

JABOTICABAL – SÃO PAULO – BRASIL

Julho - 2009

# **Livros Grátis**

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE  
MESQUITA FILHO”  
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS  
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**MODELOS MISTOS NA AVALIAÇÃO E ORDENAÇÃO DE  
GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR, COM E SEM  
EFEITOS DE COMPETIÇÃO COM PARCELAS VIZINHAS**

**Liliam Silvia Candido**

**Orientador: Prof. Dr. Dilermando Perecin  
Co-orientador: Dr. Marcos Guimarães de Andrade Landell**

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutor em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas)

JABOTICABAL – SÃO PAULO – BRASIL  
Julho de 2009

## **DADOS CURRICULARES DO AUTOR**

**LILIAM SILVIA CANDIDO** - Nascida em 10 de outubro de 1980 na cidade de Santos (SP). Em 1999, ingressou na Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS), Câmpus de Três Lagoas graduando-se como Bióloga em fevereiro de 2003. Em março de 2003, ingressou no programa de pós-graduação em Agronomia (Sistemas de Produção) na Faculdade de Engenharia, da UNESP – Universidade Estadual Paulista, Câmpus de Ilha Solteira, obtendo o título de mestre em Agronomia, em julho de 2005.

### *Oração da Serenidade*

“Concede-me, Senhor, a serenidade necessária para aceitar as coisas que não posso modificar, coragem para modificar as que eu posso e sabedoria para distinguir uma da outra - vivendo um dia de cada vez, desfrutando um momento de cada vez, aceitando as dificuldades como um caminho para alcançar a paz...”

*A meus pais João e Zilda Candido  
que tanto amo ... pelo amor, carinho e apoio incondicional...*

*DEDICO*

*A João Etel Candido (in memoriam)  
Meu irmão querido... Sempre no coração.*

*OFEREÇO*

## **AGRADECIMENTOS**

*A Deus, pelo “Dom da Vida” e por todas as graças recebidas em minha vida.*

*Aos meus pais João e Zilda Candido e irmãos, Miriam e Fernando, pelo carinho, apoio e incentivo aos estudos. Por mesmo longe sempre estarem presentes em minha vida. Amo muito vocês..!!*

*Ao meu orientador Prof. Dr. Dilermando Perecin, pelo qual sinto profundo respeito e admiração, pela valiosa orientação, confiança e ensinamentos adquiridos durante o curso e realização do presente trabalho.*

*Ao meu co-orientador Dr. Marcos Guimarães de Andrade Landell e sua equipe do Programa Cana do IAC, especialmente aos Pesquisadores Mauro Xavier e Márcio Bidóia, pela disponibilização dos dados e, sobretudo pela atenção dedicada nos momentos de dúvida.*

*A todos os professores do Curso de pós graduação em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), especialmente aos professores Dr. Rinaldo César de Paula, Dr. João Ademir de Oliveira e Dr. Danísio Prado Munari, pelos ensinamentos, respeito e amizade cultivada.*

*A todos os professores, funcionários e alunos do Departamento de Ciências Exatas pela colaboração. Principalmente as grandes amigas Shirley e Juliana, pela amizade, carinho e apoio em todos os momentos.*

*A Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias UNESP- Câmpus de Jaboticabal, que me concedeu estrutura para a realização do curso.*

*A Capes pela concessão da bolsa de estudos.*

*A Fabiana Queiroz Garcia, “minha comadre e irmã do coração”, pela amizade que nunca se perderá com a distância ou o tempo... pelo apoio e companheirismo no momento mais difícil do curso. Deu-me as mãos e ajudou-me a levantar e prosseguir...*

*As amigas Lina Maria Ramos Molina e Elaine Aparecida da Silva, pelo convívio harmonioso em casa, pela amizade incondicional e principalmente pela paciência (que não foi pouca) com meus incontáveis momentos de mau humor!*

*Ao querido Luís Fernando Belan Fedrizi, meu irmão! Embora em alguns momentos durante o curso as circunstâncias tenham nos afastado, sabemos que “sempre” poderemos contar um com o outro.*

*Ao amigo Bruno Ettore Pavan, grande parceiro de trabalho e da vida em Jaboticabal.*

*Aos amigos do curso de pós-graduação em Melhoramento de Plantas e Melhoramento Animal, principalmente a: Carla, Sônia, Edimar, Luciana, “Durva”, Bia, Priscila, Elaininha, Mariângela, Karina, Gislayne, Joseane, Francisco e Juliana Costa.*

*As minhas amigas, Amanda, Fabiana e Cinara. Nós quatro juntas formamos o imbatível “Quarteto Fantástico”. Nem sempre “tempo” é a melhor medida para avaliar a grandeza de uma amizade, e sim “respeito”, “cumplicidade”, “paciência”...*

*A todos aqueles que direta ou indiretamente colaboraram para a realização e a conclusão deste sonho, cujos nomes se confundem na hora de agradecer.*

**Muito Obrigada!**



## SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	xiii
SUMMARY.....	xv
CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	1
1- INTRODUÇÃO.....	1
2- REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1- Uso de modelos mistos no melhoramento de plantas.....	4
2.2- Estimadores REML/BLUP de componentes de variância.....	6
2.3- Efeitos da auto e da alocompetição na avaliação de genótipos.....	9
2.4- Metodologias de análise de vizinhança.....	12
CAPÍTULO 2 - USO DE MODELOS MISTOS NA AVALIAÇÃO E ORDENAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR.....	23
RESUMO.....	23
1- INTRODUÇÃO.....	24
2- MATERIAL E MÉTODOS.....	26
3- RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	30
4- CONCLUSÕES.....	35
5- REFERÊNCIAS.....	36
CAPÍTULO 3 - INFLUÊNCIA DO ARRANJO DOS GENÓTIPOS NO CAMPO E DA METODOLOGIA DE ANÁLISE ESTATÍSTICA NO ORDENAMENTO EM CANA-DE-AÇÚCAR.....	38
RESUMO.....	38
1-INTRODUÇÃO.....	39
2- MATERIAL E MÉTODOS.....	41
3- RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	44
4- CONCLUSÕES.....	52

5- REFERÊNCIAS.....	53
CAPÍTULO 4 – ANÁLISES DE VIZINHANÇA NA AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR.....	
RESUMO.....	55
1- INTRODUÇÃO.....	56
2- MATERIAL E MÉTODOS.....	58
3- RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	61
4- CONCLUSÕES.....	70
5- REFERÊNCIAS.....	71
ANEXOS.....	73

## LISTA DE FIGURAS

	Página
CAPÍTULO 3 - INFLUÊNCIA DO ARRANJO DOS GENÓTIPOS NO CAMPO E DA METODOLOGIA DE ANÁLISE ESTATÍSTICA NO ORDENAMENTO EM CANA-DE-AÇÚCAR.....	38
Figura 1 - Esquema do arranjo dos genótipos nos experimentos, exemplificando as quatro parcelas vizinhas mais próximas à uma hipotética parcela de referência "x".....	42
ANEXOS.....	73
Figura 1A - Exemplo do croqui experimental da rede de ensaios estaduais instalados no ano de 2002, em sete locais, pelo programa de melhoramento CANA – IAC, para a cultura da cana-de-açúcar.....	75

## LISTA DE TABELAS

	Página
CAPÍTULO 2 - USO DE MODELOS MISTOS NA AVALIAÇÃO E ORDENAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR.....	23
Tabela 1 - Resumo de três análises estatísticas para o atributo TCH, no 1º corte, em colheita de inverno, para genótipos de cana-de-açúcar, em sete locais.....	31
Tabela 2 - Resumo de três análises estatísticas para o atributo TCH, no 3º corte, em colheita de inverno, para genótipos de cana-de-açúcar, em sete locais.....	32
CAPÍTULO 3 - INFLUÊNCIA DO ARRANJO DOS GENÓTIPOS NO CAMPO E DA METODOLOGIA DE ANÁLISE ESTATÍSTICA NO ORDENAMENTO EM CANA-DE-AÇÚCAR.....	38
Tabela 1 - Resumo de duas análises estatísticas para o atributo TCH, no 1º corte, em colheita de inverno, para genótipos de cana-de-açúcar, em sete locais e três blocos, sendo um arranjo diferente por bloco.....	45
Tabela 2 - Resumo de duas análises estatísticas para o atributo TCH, no 3º corte, em colheita de inverno, para genótipos de cana-de-açúcar, em sete locais e três blocos, sendo um arranjo diferente por bloco.....	48
Tabela 3 - Coeficientes de correlação de Pearson entre as parcelas dos genótipos de referência (X) e os vizinhos à direita (VLD) e à esquerda (VLE), nos arranjos “1”, “2” e “3”, para o atributo TCH, no 1º corte (acima da diagonal) e 3º corte (abaixo da diagonal), em época média, para genótipos de cana-de-açúcar, em sete locais.....	51

CAPÍTULO 4 – ANÁLISES DE VIZINHANÇA NA AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR..... 55

Tabela 1- Estimativas das variâncias genótípicas ( $\sigma_G^2$ ), interação genótipos x locais ( $\sigma_{GxL}^2$ ) e ambiental ( $\sigma_e^2$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e coeficiente de variação (CV), sem e com o uso de covariáveis de competição pelos métodos de Papadakis, Médias Móveis 1 e Médias Móveis 2 e o valor do teste F para cada coeficiente de regressão entre as respostas das parcelas e a covariável (b), para o atributo TCH no 1º corte, para genótipos de cana-de-açúcar, em sete locais..... 62

Tabela 2 - Estimativas das variâncias genótípicas ( $\sigma_G^2$ ), interação genótipos x locais ( $\sigma_{GxL}^2$ ) e ambiental ( $\sigma_e^2$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e coeficiente de variação (CV), sem e com o uso de covariáveis de competição pelos métodos de Papadakis, Médias Móveis 1 e Médias Móveis 2 e o valor do teste F para cada coeficiente de regressão entre as respostas das parcelas e a covariável (b), para o atributo TCH no 3º corte, para genótipos de cana-de-açúcar, em sete locais..... 63

Tabela 3 - Estimativas das variâncias genótípicas ( $\sigma_G^2$ ), interação genótipos x locais ( $\sigma_{GxL}^2$ ) e ambiental ( $\sigma_e^2$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e coeficiente de variação (CV), com o uso de três covariáveis de competição associadas, pelos métodos de Papadakis, Médias Móveis 1 e Médias Móveis 2 e o valor do teste F para cada coeficiente de regressão entre as respostas das parcelas e a covariável (b), para o atributo TCH no 1º e 3º cortes, para genótipos de cana-de-açúcar, em sete locais..... 66

Tabela 4 - Ordenamento de vinte e dois genótipos de cana-de-açúcar avaliados no 1º corte, segundo os métodos de vizinhança de Papadakis, Médias Móveis 1 e Médias Móveis 2, com as covariáveis de competição “Lateral” (L), “ponta” (P) e “4 vizinhos” (4 V), e correlações de Spearman (r) entre o ordenamento da análise sem covariável e as análises de vizinhança.....	68
Tabela 5 - Ordenamento de vinte e dois genótipos de cana-de-açúcar avaliados no 3º corte, segundo os métodos de vizinhança de Papadakis, Médias Móveis 1 e Médias Móveis 2, com as covariáveis de competição “Lateral” (L), “ponta” (P) e “4 vizinhos” (4 V), e correlações de Spearman (r) entre o ordenamento da análise sem covariável e as análises de vizinhança.....	69
ANEXOS.....	73
Tabela 1A - Lista dos clones e padrões avaliados na rede de ensaios estaduais instalados no ano de 2002, em sete locais, pelo programa de melhoramento CANA – IAC, para a cultura da cana-de-açúcar.....	74
Tabela 2A - Regiões, municípios, tipo de solo e ambiente de produção da rede de ensaios estaduais instalados no ano de 2002, pelo programa de melhoramento CANA – IAC, para a cultura da cana-de-açúcar.....	76

## **MODELOS MISTOS NA AVALIAÇÃO E ORDENAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR, COM E SEM EFEITOS DE COMPETIÇÃO COM PARCELAS VIZINHAS**

**RESUMO** – Nos programas de melhoramento de cana-de-açúcar grande número de clones são avaliados todos os anos, em experimentos realizados em diferentes safras, épocas e regiões. E como é cada vez mais difícil selecionar os melhores genótipos fenotipicamente, o uso de métodos precisos de análise estatística é necessário, a fim de garantir maior confiabilidade ao processo seletivo. A avaliação genética com base em modelos mistos do tipo REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/ melhor predição linear não-viesada) tem merecido atenção especial dos pesquisadores. Outra questão importante durante o processo de seleção é a avaliação de possíveis efeitos da alocompetição sofrida pelos genótipos nos experimentos, pois, um genótipo em alocompetição pode ter comportamento diferente quando plantado comercialmente, apenas em autocompetição. Por essa razão, estratégias de análise que modelam a dependência espacial na forma de covariância, têm sido utilizadas no melhoramento com o objetivo de neutralizar os efeitos da competição entre parcelas vizinhas, além de aumentar a precisão experimental. Para o estudo desses fatores, foram utilizados dados de 1º e 3º corte, do atributo tonelada de cana/ha (TCH), da rede de ensaios estaduais do programa de melhoramento do Centro de Cana-IAC, instalados no ano de 2002. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados com 3 repetições, sendo que a casualização em cada bloco foi feita uma única vez, de forma que em todos os experimentos, os genótipos tivessem sempre os mesmos vizinhos. As parcelas experimentais foram constituídas de cinco linhas de 8m espaçadas a 1,50m. De maneira geral, a análise por modelo misto e a análise tradicional apresentaram poucas diferenças em relação aos parâmetros avaliados e ao ordenamento dos genótipos, assim como, o uso de diferentes metodologias de análise de vizinhança pouco contribuiu efetivamente para o aumento da precisão experimental. Os efeitos da alocompetição detectados foram pequenos, demonstrando que parcelas de cinco linhas são eficientes para avaliação dos clones em fase final de seleção.

**Palavras-chave:** *Saccharum* ssp., REML/BLUP, alocompetição, covariância, ordenamento, precisão experimental.



## **MIXED MODELS IN THE EVALUATION AND RANKING OF SUGARCANE GENOTYPES, WITH AND WITHOUT EFFECTS OF COMPETITION WITH NEIGHBORING PLOTS**

**SUMMARY** – In the programs for sugarcane improvement large number of clones are evaluated each year, in experiments realized in different crops, seasons and regions. And it is increasingly difficult to select the best genotypes phenotypically, the use of precise methods of statistical analysis is needed to ensure greater reliability in the selection process. The genetic evaluation based on mixed models of the type REML / BLUP (restricted maximum likelihood / best linear unbiased prediction) has deserved special attention from researchers. Another important issue during the selection process is the evaluation of possible effects of allocompetition suffered by the genotypes in the experiments, because a genotype in allocompetition may have different behavior when planted commercially, only in autocompetition. Therefore, strategies of analysis to model the spatial dependence in the form of covariance, have been used in improvement with the objective of neutralizing the effects of competition between neighboring plots, besides increasing the experimental precision. For the study of these factors, we used data from 1st and 3rd cuts, of the attribute tons of cane per hectare (TCH), than the network experiments state test of the improvement program of the Centro de Cana-IAC, Brazil, installed in 2002. The experimental design was a randomized block with 3 replications, with each block randomization was performed only once, so that in all experiments, the genotypes have the same neighbors. The experimental plots consisted of five lines of 8 m spaced to 1.50 m. In general, the mixed model analysis and traditional analysis showed little difference with respect to the parameters evaluated and the ranking of genotypes, as well as the use of different methodologies for the neighborhood analysis contributed little to increase the experimental precision. The effects of allocompetition detected were small, showing that plots of five lines were efficient for evaluation of the clones in the final stage of selection.

**Key words:** *Saccharum* spp., REML/BLUP, allocompetition, covariance, ranking, experimental precision.

## **CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS**

### **1 – INTRODUÇÃO**

A importância econômica da cana-de-açúcar é grande, visto que ela produz diversos alimentos para o homem e para animais além, no caso brasileiro, da produção de álcool combustível para a indústria automobilística.

Atualmente, a cultura da cana ocupa no país, uma área superior a sete milhões de hectares. A previsão da produção para a safra 2009/2010 indica que o total dessa matéria-prima que será processada pelo setor sucroalcooleiro, deverá atingir um montante entre 622,0 e 633,7 milhões de toneladas, correspondendo a um aumento de 8,6% a 10,7% do obtido da safra passada. Para a região Centro-Sul, cuja participação está próxima de 90,0% do total nacional, os resultados indicam um aumento de 10,1% a 12,3% no volume da cana a ser processada (CONAB, 2009).

Essa crescente expansão se deve, em grande parte, a adoção, por parte dos produtores, das novas cultivares que vem sendo produzidas pelos programas de melhoramento genético, visando sempre o incremento da produtividade (açúcar e álcool). No entanto, como as diferenças entre os melhores genótipos têm sido cada vez mais difíceis de serem detectadas fenotipicamente, algumas metodologias de análise estatística vindo sendo utilizadas como ferramentas a fim de minimizar a interferência de fatores ambientais nos resultados da seleção.

RESENDE (2005) recomenda o uso dos modelos mistos, que apresenta tanto fatores de efeitos fixos como aleatórios, além da média geral e do erro experimental, respectivamente. Dessa forma, os tratamentos ou genótipos, no caso de experimentos de competição de cultivares, podem ser considerados como fator fixo ou aleatório, dependendo da interpretação do pesquisador.

Nos modelos mistos a análise da parte aleatória consiste na predição dos efeitos aleatórios, na presença de efeitos fixos. A análise da parte fixa consiste de estimação e testes de hipóteses sobre funções estimáveis dos efeitos fixos. Em geral, tanto a predição dos efeitos aleatórios quanto estimação dos efeitos fixos dependem da estimação dos componentes de variância (PERRI & IEMMA,1999). De acordo com RESENDE (2005), o procedimento ótimo de estimação de componentes de variância é o REML (máxima verossimilhança restrita) e o procedimento ótimo de predição de valores genéticos é o obtido pelo BLUP (melhor preditor linear não-viesado).

Outro aspecto a ser considerado pelos programas de melhoramento durante a seleção dos genótipos em campo é o tamanho das parcelas experimentais. Normalmente, para cana-de-açúcar, os experimentos com clones em fase final de seleção, são instalados em parcelas de 3 a 8 linhas. Dessa forma, genótipos diferentes ficam lado a lado, ocorrendo tanto alocompetição, ou seja, competição entre genótipos diferentes, nas linhas adjacentes como a autocompetição entre os genótipos idênticos, nas linhas centrais da parcela.

Diante disso, a validade de uma análise de variância tradicional é duvidosa, haja vista a grande possibilidade de correlação entre parcelas vizinhas, o que violaria a pressuposição de independência entre as observações. DUARTE (2000) comenta que não é razoável confiar apenas à casualização a tarefa de neutralizar os efeitos desta correlação, pois o ordenamento dos genótipos poderá ser prejudicado.

Assim, estratégias de análises que modelam a dependência espacial na forma de análise de covariância (análise de vizinhança) têm sido sugeridas no melhoramento de plantas a fim de exercer maior controle local e aumentar a precisão experimental. Os métodos de Papadakis e Médias Móveis têm sido os mais utilizados, tanto para análise de dados simulados como para dados de campo de culturas agronomicamente importantes.

Com base no exposto, podemos estabelecer as hipóteses:

- (i) Existem diferenças em relação aos parâmetros genéticos e a ordenação de genótipos de cana-de-açúcar obtidos pela análise de variância tradicional e pela análise por modelo misto.

- (ii) Existem diferenças em relação à ordenação de genótipos de cana-de-açúcar, devido à alocompetição estabelecida pelos vizinhos, em função de diferentes arranjos dos genótipos no campo.
- (iii) O uso de metodologias de análise de vizinhança é eficiente em aumentar a precisão de experimentos de competição de genótipos de cana-de-açúcar, e promove um ordenamento confiável dos genótipos.

Assim, os objetivos do presente trabalho foram:

- a) Avaliar e comparar os parâmetros genéticos e o ordenamento dos genótipos de cana-de-açúcar obtidos pela análise de variância tradicional com os obtidos pela metodologia dos modelos mistos, considerando os “genótipos” ora fator fixo, ora fator aleatório no modelo.
- b) Verificar a influência da alocompetição e avaliar alterações no ordenamento dos genótipos de cana-de-açúcar instalados em experimentos com parcelas de 5 linhas, em função do arranjo dos genótipos no campo.
- c) Utilizar diferentes covariáveis de competição nas metodologias de análise de vizinhança Papadakis e Médias Móveis e verificar a eficiência dessas análises em aumentar a precisão experimental, bem como as conseqüências no ordenamento dos genótipos de cana-de-açúcar, em experimentos de melhoramento.

## **2 – REVISÃO DE LITERATURA**

### **2.1. Uso de modelos mistos no melhoramento de plantas**

A metodologia dos modelos mistos foi proposta por HENDERSON (1949) para ser utilizada na avaliação genética de bovinos, e foi apresentada pela primeira vez em 1973 (HENDERSON, 1973), passando a ser utilizada na prática a partir da década de 80, devido aos avanços tecnológicos computacionais que permitiram seu uso, conforme descrito por RESENDE (2002).

Para se caracterizar um modelo como misto, o mesmo deve possuir um ou mais efeitos fixos, além da média geral, e um ou mais efeitos aleatórios, além do erro experimental. O modelo misto possibilita modelar, simultaneamente, os efeitos fixos e aleatórios. Assim, é possível obter estimativas para os efeitos fixos e predições para os efeitos aleatórios. Para o último, o mais utilizado, atualmente, é o “melhor preditor linear não-viesado” (BLUP). O processo envolve montar e solucionar equações para cada efeito de ambiente e para cada indivíduo (progênie, clone, etc.) a ser avaliado.

Nos experimentos com plantas, em campo, os efeitos dos tratamentos (genótipos) e os efeitos ambientais mensuráveis (parcelas, blocos e outros) podem ser considerados como fixos ou aleatórios (OLIVEIRA, 2007), sendo todos considerados como casos particulares da metodologia de modelos mistos. Mas, segundo SEARLE et al. (1992), em muitas situações a decisão entre admitir certos efeitos como fixos ou aleatórios não é tão óbvia quanto pode parecer. No caso de modelos com blocos, as discussões cercam-se nas suposições acerca dos efeitos de blocos e de tratamentos (DUARTE, 2000). O mesmo autor comenta que o fato de existirem diversas opiniões contrastantes na literatura (GUSMÃO, 1986; PIEPHO, 1994), indica que o assunto ainda não está estabelecido. Recomenda ainda, que deve haver um bom entrosamento entre melhoristas e biometristas para se evitar possíveis equívocos decorrentes de uma escolha inadequada.

GUSMÃO (1986) comenta que, para serem considerados aleatórios, os blocos não devem ser alocados de forma sistemática como geralmente são. Mas, por outro lado, assumir blocos como fixos significa que a população está restrita apenas aos blocos incluídos no experimento, o que também não ocorre na maioria dos casos. Assim, o autor prefere admitir blocos como fixos, devido à forma de alocação dos mesmos na prática por si só já descaracterizar o processo de amostragem aleatória.

A grande vantagem de assumir blocos aleatórios é a possibilidade de se fazer inferências mais amplas. Contudo, quando os blocos não são uma amostra aleatória, por exemplo, blocos contíguos, inferências amplas podem ser equivocadas. Em razão disso, PIEPHO (1997), sugere que na dúvida, parece mais razoável reduzir o espaço de inferência e, então, adotar blocos como fixos.

No melhoramento de plantas, os efeitos ambientais podem ser considerados fixos ou aleatórios, enquanto que os efeitos genéticos ou de tratamentos normalmente são considerados como de efeitos aleatórios. Com isso, há a possibilidade de extrapolar os valores de uma amostra (variância e média) como sendo de toda uma população. Outra vantagem refere-se à produção de predições mais acuradas, principalmente, quando existem dados perdidos. Isso porque as predições são conduzidas em direção à média geral, obtendo valores genéticos e não fenotípicos. Dessa forma, resolve-se o problema quando se tem dados desbalanceados, seja por número de repetições ou tratamentos, mesmo nos experimentos conduzidos em várias localidades, permitindo lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos e delineamentos). Sendo assim, adotando-se a metodologia BLUP, possibilita-se a maximização da acurácia seletiva, minimizando o erro de predição (RESENDE, 2002; 2004).

BUENO FILHO (1997) encontrou diferenças de ordenamento em ensaios florestais, apenas pelo fato de considerar o fator blocos, ora como fixo, ora como aleatório no processo de predição. Por sua vez, TOMÉ et al. (2002), avaliaram a melhor especificação para o efeito de blocos, em simulações de experimentos no delineamento em látice quadrado. Os autores concluíram que os modelos que

consideraram blocos como fator fixo foi mais informativo e adequado do que os modelos que trataram efeito de blocos como aleatório.

Atualmente, a metodologia de modelos mistos tem-se tornado acessível aos usuários graças à sua implementação em sistemas estatístico-computacionais de ampla divulgação como o SAS<sup>®</sup> (Statistical Analysis System) (DUARTE E VENCOVSKY, 2001). MONTEBELO (1997) cita os procedimentos GLM, VARCOMP e MIXED, como os de maior flexibilidade para análise de modelos mistos e estimação de componentes de variância, no entanto o autor fornece maior ênfase ao PROC MIXED.

No melhoramento de plantas, os modelos mistos tem sido utilizados, principalmente em análises de espécies florestais, a exemplo de BUENO FILHO & VENCOVSKY (2000), GARCIA & NOGUEIRA (2005) e ROCHA et al. (2007) e recentemente em cana-de-açúcar (BARBOSA et al., 2005; OLIVEIRA et al., 2008).

## **2.2. Estimadores REML/BLUP de componentes de variância**

O sucesso do melhoramento genético de plantas para os principais atributos agronômicos de interesse depende, primeiramente, da criteriosa avaliação dos genótipos em experimentos bem delineados (RAMALHO et al., 2005). De posse desses dados, o passo seguinte consiste em explorá-los adequadamente, sobretudo pela adoção de acurados procedimentos de seleção, que associem os maiores valores genéticos aditivos (VGA) (RESENDE, 2002).

A necessidade de uma experimentação adequada é fundamental, pois, o processo seletivo é realizado por meio do ordenamento dos genótipos (clones, progênies, etc.) usando alguma função dos dados. Para que o progresso genético seja maximizado, é necessário que esta função dos dados resulte no ranqueamento dos VGA preditos o mais próximo possível do ranqueamento pelos verdadeiros VGA (WHITE & HODGE, 1989).

Alguns métodos têm sido utilizados com a finalidade de predizer o VGA em plantas pelo uso de diferentes funções dos dados. De maneira genérica, a predição



pode ser efetuada por três procedimentos e situações distintas: 1) Melhor Predição – BP (“Best Prediction”); 2) Melhor Predição Linear – BLP (“Best Linear Prediction”); 3) Melhor Predição Linear Não-Viesada – BLUP (“Best Linear Unbiased Prediction”). O primeiro procedimento (método BP) utiliza os mesmos pesos, ponderadores das informações fenotípicas, para todos os indivíduos candidatos à seleção, ao passo que os métodos BLP e BLUP implicam na utilização de diferentes pesos para os candidatos à seleção. Dentre esses procedimentos, o BLUP é o mais completo e conduz à maximização do ganho genético, por ciclo de seleção (RESENDE, 1997a e 1997b).

O procedimento BLUP foi desenvolvido por Henderson, em 1949, no contexto de modelos mistos, com a finalidade de prever valores genéticos de animais para a produção de leite sob condições de desbalanceamento nos dados (WHITE & HODGE, 1989), porém, essa metodologia somente foi apresentada formalmente por Henderson, em 1973 (RESENDE, 2002). Da mesma forma, HENDERSON et al. (1959) mostraram que o melhor estimador linear não tendencioso dos efeitos fixos é o chamado BLUE (melhor estimador linear não viciado). Devido à necessidade de realização de cálculos complexos, a utilização do BLUP como método rotineiro de análise apenas se tornou possível a partir do avanço no campo computacional, sobretudo, com o desenvolvimento de softwares estatísticos que traziam algoritmos especializados já implementados (NUNES, 2006).

WHITE & HODGE (1989) apresentaram várias propriedades úteis do BLUP, referentes ao melhoramento genético vegetal, dentre as quais destacam-se: a) permitir a estimação e predição não viesadas em um procedimento único; b) poder levar em conta efeitos de seleção e endogamia ao longo das gerações, desde que o grau de relacionamento genético entre os indivíduos avaliados seja conhecido; c) a correlação entre os valores genéticos verdadeiros e os preditos ser máxima dentre as classes de preditores lineares não viesados; d) poder prever o valor genético dos indivíduos observados ou não; e) as variâncias e os erros das predições BLUP serem menores em relação a outros métodos; f) possuir o menor erro quadrático médio dentre todos os preditores lineares não viesados.

HENDERSON et al. (1959), no entanto, alertam que em caso de experimentos balanceados e não havendo ou não se conhecendo o parentesco entre os genótipos, as soluções do modelo misto (BLUP) e as soluções dos quadrados mínimos (BLUE) podem levar ao mesmo ordenamento dos genótipos.

Uma condição para que BLUE e BLUP detenham a propriedade de mínimo erro quadrático médio é que os componentes de variância genéticos e não genéticos sejam conhecidos. Como na prática, estes componentes são desconhecidos, devem ser estimados por algum método (ROBINSON, 1991). Um método que tem sido rotineiramente utilizado para estimar componentes de variância em modelos mistos é o método da máxima verossimilhança restrita (REML), desenvolvido por PATTERSON & THOMPSON (1971). Assim, de acordo com RESENDE (2004), o BLUP é o procedimento ótimo de predição de valores genéticos e o REML é o procedimento ótimo de estimação de componentes de variância.

RESENDE et al. (1996) avaliaram três procedimentos de estimação de componentes de variância visando a predição de valores genéticos: mínimos quadrados (LS – Least Squares), máxima verossimilhança (MS – Maximum Likelihood) e máxima verossimilhança restrita (REML – Restricted Maximum Likelihood). Os autores concluíram que o procedimento REML, embora computacionalmente mais complicado, foi o mais preciso, e que a seleção e a estimação de ganhos genéticos devem ser realizadas pelo procedimento REML interagindo nas equações de modelo misto (BLUP).

O método REML permite produzir estimativas ou predições mais acuradas de efeitos de tratamentos quando existem dados perdidos nos experimentos. As predições dos efeitos aleatórios são forçadas em direção à média geral (efeito “shrinkage”), penalizando estimativas baseadas em pequenas amostras. Permitem, ainda, o ajuste de diferentes variâncias de cada grupo de tratamento, ou seja, permite considerar variâncias heterogêneas, permite a modelagem da estrutura de correlação em experimentos com dependência espacial, medidas repetidas e em múltiplos experimentos (RESENDE, 2004).

RESENDE (2002) descreve a importância das estimativas de parâmetros genéticos pelo REML nos modelos mistos, por ser uma metodologia que permite gerar estimativas não tendenciosas dos parâmetros. Outra grande vantagem desses modelos é que eles consideram a covariância genética entre as observações e ponderam os genótipos com desigual número de informações, na mesma ou em diferentes gerações. Isso faz com que a avaliação genética pelos modelos mistos, seja um instrumento mais eficaz que o da avaliação partindo de estimativas pelo método dos mínimos quadrados, para seleção de genitores, famílias e clones, com o uso da informação da própria entidade ou de aparentados, avaliados no mesmo ou em diferentes locais, épocas ou gerações (RESENDE, 1999).

Atualmente a metodologia dos modelos mistos pode ser utilizada por meio de programas estatísticos-computacionais como o SAS<sup>®</sup> - Statistical Analysis System, o ASREML e o Selegen-REML/BLUP (Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos). Estes programas permitem o ajuste de um grande número de modelos, inclusive os mais complexos (OLIVEIRA, 2007).

### **2.3. Efeitos da auto e da alocompetição na avaliação de genótipos**

A estratégia básica do melhoramento de espécies que são propagadas vegetativamente, a exemplo da cana-de-açúcar, baseia-se no cruzamento entre indivíduos superiores, que muitas vezes são cultivares que estão em uso comercial. Em suas respectivas progênes formadas, são selecionados novos indivíduos superiores, que são denominados como clones potenciais e que são avaliados em ensaios experimentais (RESENDE & BARBOSA, 2005).

Nas etapas finais do melhoramento, os clones potenciais são avaliados regionalmente, em vários ambientes de produção, o que permite a identificação dos clones com elevados valores genotípicos para ambientes específicos e/ou com ampla adaptação (SOUZA JR., 1989; LANDELL & BRESSIANI, 2008). Nessas fases, os experimentos de campo, normalmente, são instalados em parcelas de 3 a 8 linhas.

Dessa forma, genótipos diferentes ficam lado a lado, ocorrendo tanto alocompetição, ou seja, competição entre genótipos diferentes nas linhas adjacentes, como a autocompetição entre os mesmos genótipos nas linhas centrais da parcela.

Segundo FASOULA (1990), a autocompetição é aquela em que genótipos idênticos dividem recursos ambientais entre si. Ocorre principalmente em cultivares monogênicos (linhas puras e clones, por exemplo). A alocompetição é aquela em que os genótipos diferentes dividem os recursos ambientais, competindo entre si. Ocorre em cultivares poligênicos (populações e variedades mistas) e em campos experimentais onde se avaliam diferentes genótipos (linhagens, híbridos ou variedades), principalmente em parcelas pequenas. Por outro lado, a ausência de competição, ocorre quando as plantas exploram os recursos do ambiente de acordo com o seu potencial genético, sem serem afetadas por outras plantas.

A competição intergenotípica, ou seja, entre genótipos diferentes, pode ser um importante fator de influência em parcelas pequenas. Por exemplo, a produção de um determinado genótipo pode ser reduzida pela parcela vizinha, se essa for mais alta ou possuir maior diâmetro de colmo, conseguindo dessa forma capturar maior quantidade de recursos. Assim, os fenótipos que possuem atributos biométricos avantajados, podem induzir um direcionamento de resultados favoráveis a eles, promovendo erros de interpretação. A casualização normal e o aumento do número de repetições muitas vezes não são capazes de eliminar esse tipo de direcionamento dos resultados (FERREIRA, 1995).

Dessa forma, a competição entre parcelas pode tornar menos eficiente a seleção, independentemente da magnitude da variância aditiva presente na população, da intensidade de seleção e da eficiência do delineamento experimental, devido à escolha preferencial dos genótipos mais competitivos, em condições de alocompetição, e menos produtivos em monocultivo.

Avaliando as correlações entre auto, alo e ausência de competição com a produção em trigo, FASOULA (1990) observou que os coeficientes de correlação estimados para autocompetição e ausência de competição foram positivos entre si e negativos com alocompetição. Foram observadas correlações positivas entre produção

e autocompetição. Entretanto, a alocompetição apresentou uma correlação negativa com produção, podendo ter importantes implicações no melhoramento de plantas.

Para a cultura da cana-de-açúcar, existem evidências, ainda em estudo, indicando que a alocompetição entre linhas adjacentes pode interferir na avaliação dos genótipos. Em outras culturas, isso já está certificado. PERECIN et al. (1997), verificaram diferenças significativas entre os arranjos das linhas em auto e alocompetição, em experimentos com sintéticos de milho. Ou seja, a forma de arranjo das linhas produziu efeitos diferentes nos atributos de produtividade avaliados. BISOGNIN et al. (1995) observaram respostas diferenciadas à competição intergenotípica em diferentes misturas de cultivares de soja. Da mesma forma, SILVA et al. (2007) concluíram que embora a performance média de linhagens de feijão em autocompetição tenha sido semelhante à da alocompetição, as linhagens diferiram na resposta à alocompetição.

Por essas razões, nos experimentos de melhoramento, todo o esforço deve ser feito para que os efeitos da competição entre parcelas sejam reduzidos. Nesse sentido, SCARPINATI et al. (2009) estudaram o comportamento de clones de eucalipto em diferentes delineamentos experimentais e verificaram alterações no ordenamento dos clones, conforme o sistema de convivência dos mesmos, ou seja, sob auto ou alocompetição e de acordo com a metodologia estatística empregada nas análises, ANOVA tradicional ou modelos mistos.

Metodologias estatísticas que ajustam os dados por covariáveis de competição, levando em conta a relação entre parcelas vizinhas, têm sido empregadas em análises de experimentos de melhoramento para tentar amenizar os efeitos prejudiciais da competição intergenotípica. Mais detalhes sobre essas análises serão abordados no próximo item dessa revisão.

## 2.4. Metodologias de análise de vizinhança

Nos programas de melhoramento de plantas, garantir a qualidade dos experimentos de campo é fundamental para se detectar os genótipos superiores no processo de seleção. Por isso, ao se planejar um experimento é importante adotar medidas que procurem minimizar os efeitos do erro. Entre essas medidas estão a repetição, a casualização e o controle local dos tratamentos em teste, chamados de princípios básicos da experimentação.

O controle local ajuda a reduzir a variação residual e o uso de repetições permite uma precisa estimação dos parâmetros. Cabe à casualização a tarefa de neutralizar os efeitos da correlação espacial e então produzir uma análise de variância válida (DUARTE, 2000). Entretanto, mesmo adotando esses cuidados pode ocorrer um aumento indesejável do erro experimental, devido a variações causadas por fatores não controláveis, como por exemplo, a heterogeneidade do solo ou das parcelas, ou ainda a competição entre parcelas vizinhas, principalmente em parcelas pequenas e/ou com tratamentos distribuídos sistematicamente.

A questão é que a análise de variância tradicional não considera que as observações tomadas em plantas ou parcelas vizinhas possam estar correlacionadas, uma vez que uma das pressuposições que se assume no modelo é a independência entre os erros das observações. Assim, estratégias de análise que modelam a dependência espacial na forma de análise de covariância, têm sido sugeridas no melhoramento de plantas a fim de exercer maior controle local e aumentar a precisão experimental. Nessas análises, considera-se que os efeitos do erro experimental sejam tão mais semelhantes quanto mais próximas estejam localizadas as parcelas (COSTA et al., 2005).

BROWNIE et al. (1993) relataram que o uso de análises de vizinhança, como também são conhecidas as análises de covariância, implica em maiores ganhos na precisão comparativamente à análise convencional. De acordo com RESENDE (2000), esse tipo de análise permite corrigir os dados de uma forma tal que as variações devidas à covariável sejam minimizadas, ou até mesmo anuladas, fornecendo deste

modo, estimativas corretas dos componentes de variância e de outros parâmetros que por meio desta são obtidos.

Os métodos de Papadakis e Médias Móveis têm sido os mais utilizados em dados simulados (VIVALDI, 1990) ou em dados de campo de culturas agronomicamente importantes, como milho, feijão e soja (AMARO et al., 1997; SOUZA et al., 2000; CARGNELUTTI FILHO et al., 2003; COSTA et al., 2005; STORCK et al., 2008).

PAPADAKIS (1937) foi o primeiro a introduzir o método do vizinho mais próximo (Nearest-Neighbor Method) com a finalidade de reduzir o erro experimental. Trata-se de um método de ajuste espacial, que utiliza as médias dos erros experimentais calculadas entre as parcelas vizinhas como covariável, a fim de diminuir a variância do erro experimental. O que se deseja com aplicação desse método é eliminar parte das tendências existentes nos solos, por meio do desempenho das parcelas vizinhas, conseqüentemente diminuindo o erro experimental (COSTA, 2003). De acordo com CARGNELUTTI FILHO et al. (2003), ainda não é bem conhecida a magnitude da eficiência do método de Papadakis para as diferentes culturas e ambientes. No entanto, VIVALDI (1990) afirma que este método possui uma precisão no mínimo igual à de outros métodos de análise espacial.

No método das Médias Móveis, o valor de cada parcela é corrigido pela média dos valores das parcelas vizinhas e não pelo efeito residual dos vizinhos, como é feito no método de Papadakis. RIOS (1997) relata que Rickey, em 1924, já ajustava médias de progênies de milho a partir da razão entre as médias das fileiras vizinhas e, visto que cada fileira possuía vizinhos diferentes denominou a técnica de Médias Móveis.

CARGNELUTTI FILHO et al. (2003), utilizando Papadakis em ensaios de competição de cultivares de milho observaram reduções no erro experimental de até 57,4%. Já COSTA et al. (2005) obtiveram reduções, em média, de 5,5% e 6,2 % no erro, respectivamente com os métodos de Papadakis e Médias Móveis, em experimentos com progênies de feijão e milho. STORCK et al. (2008) relataram eficiência satisfatória do método de Papadakis na melhoria das estatísticas que retratam a precisão experimental em ensaios de soja.

Analisando experimentos simulados, VIVALDI (1990) comparou os métodos de Papadakis, Médias Móveis e Blocos Móveis em relação à eficiência em reduzir o erro experimental. O autor verificou que a maior redução do erro foi proporcionada pelo método de Papadakis, mas sugeriu que estudos complementares deveriam ser realizados nos métodos de Médias Móveis e Blocos Móveis, principalmente em relação às ponderações atribuídas as parcelas vizinhas em função da distância em relação à parcela de referência e também sobre a obtenção do número ótimo de parcelas envolvidas na criação da covariável.

Por essa razão, o número de vizinhos considerado no cálculo das covariáveis de competição, aplicado em qualquer método de análise de vizinhança, é um fator questionável, podendo variar de local para local, ou mesmo dentro de um experimento. Utilizando o método de Papadakis em culturas frutíferas, como pêssego, abacaxi e maçã, em diversos experimentos em vários países, PEARCE & MOORE (1976) observaram reduções nos erros na maioria dos experimentos. Os autores usaram como covariável dados de duas a oito parcelas vizinhas, e concluíram que quanto maior o número de vizinhos utilizados, maior a redução no erro experimental. CARGNELUTTI FILHO et al. (2003) concluíram após estudar cinco tipos de covariáveis, no método de Papadakis, em experimentos de milho, que a covariável da parcela de referência e as quatro laterais mais próximas foram as mais eficientes na redução da variância ambiental.



### 3 – REFERÊNCIAS

AMARO, R.; COBO, M.; QUIROZ, A. Comparacion de metodos de ajuste em el analisis espacial de experimento de campo. **Agronomia Tropical**, v. 47, n. 3, p. 359-374, 1997.

BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. A. Selection of sugarcane families and parents by REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, n. 4, p. 443-450, 2005.

BISOGNIN, D. A.; VERNETTI, F. J.; GASTAL, M. F. C.; ZONTA, E. P. Competição intergenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** v. 30, n. 7, p. 947-955, 1995.

BROWNIE, C.; BOWMAN, D. T.; BURTON, J. W. Estimating spatial variation in analysis of data from yield trials: a comparison of methods. **Agronomy Journal**, v. 85, n. 6, p. 1244-1253, 1993.

BUENO FILHO, J. S. S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais**. 1997. 118 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

BUENO FILHO, J. S. S.; VENCOSKY, R. Alternativas de análise de ensaios em látice no melhoramento vegetal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 2, p. 259-296, 2000.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; LUCIO, A. D. Ajustes de quadrado médio do erro em ensaios de competição de cultivares de milho pelo método de Papadakis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 4, p. 467-473, 2003.

CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra Brasileira. Cana-de-açúcar Safra 2009**: Primeiro levantamento abril/2009. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em 19 de junho de 2009.

COSTA, J. R. **Análise espacial e de vizinhança no melhoramento genético de plantas**. 2003. 82 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2003.

COSTA, J. R.; BUENO FILHO, J. S. de S.; RAMALHO, M. A. P. Análise espacial e de vizinhança no melhoramento genético de plantas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, n. 11, p. 1073-1079, 2005.

DUARTE, J. B. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. 2000. 293 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2000.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Estimção e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, v. 58, n. 1, p. 109-117, 2001.

FASOULA, D. A. Correlations between auto-, allo- and nil-competition and their implications in plant breeding. **Euphytica**, v. 50, p. 57-62, 1990.

FERREIRA, J. M. **Efeitos da auto e da alocompetição em sintéticos de milho (*Zea mays* L.)**. 1995. 78 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 1995.

GARCIA, C. H.; NOGUEIRA, M. C. S. Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto. **Scientia Forestalis**, n. 68, p. 107-112, 2005.

GUSMÃO, L. Inadequacy of blocking in cultivar yield trials. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 72, p. 98-104, 1986.

HENDERSON, C. R. Estimation of changes in herd environment. **Journal of Dairy Science**, v. 32, p. 709, 1949.

HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF J. LUSH, 1973, Champaign. **Proceedings**. Champaign: America Society of Animal Science, 1973. p.10-41.

HENDERSON, C. R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S. R.; VON KROSIGK, C. M. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, v. 13, n. 1, p. 192-218, 1959.

LANDELL, M. G. A.; BRESSIANI, J. A. Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M. de; LANDELL, M. G. A. (Ed). **Cana-de-açúcar**. Campinas: Instituto Agrônomo, 2008. cap. 3, p. 101-157.

MONTEBELO, M. I. L. **Modelos lineares de efeitos mistos: formulação geral e utilização de alguns sistemas computacionais estatísticos**. 1997. 173 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

NUNES, J. A. R. **Incorporação da informação de parentesco no método genealógico pelo enfoque de modelos mistos**. 2006. 113 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

OLIVEIRA, R. A. **Seleção de famílias de maturação precoce em cana-de-açúcar via REML/ BLUP**. 2007. 127 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2007.

OLIVEIRA, R. A. de; DAROS, E.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; IDO; O. T.; WEBER, H.; RESENDE, M. D. V. de; ZENI-NETO, H. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. **Scientia Agraria**, v. 9, n. 3, p. 269-274, 2008.

PAPADAKIS, J. S. **Méthode statistique pour des expériences sur champ**. Thessalonike: Institut d'Amélioration des Plantes à Salonique, 1937. 30 p. (Bulletin, 23).

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.

PERECIN, D.; MALHEIROS, E. B.; FERREIRA, J. M.; MÔRO, J. B. Um delineamento para avaliações de auto e alocompetição em plantas. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 15, n. 1, p. 195-200, 1997.

PEARCE, S. C.; MOORE, C. S. Reduction of experimental error in perennial crops, using adjustment by neighbouring plots. **Experimental Agriculture**, v. 12, n. 3, p. 267-272, 1976.

PERRI, S. H. V.; IEMMA, A. F. Procedimento "MIXED" do SAS<sup>®</sup> para análise de modelos mistos. **Scientia Agricola**, v. 56, n. 4, p. 959-967, 1999.

PIEPHO, H. P. Best linear unbiased prediction (BLUP) for regional yield trials: a comparison to additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 89, p. 647-654, 1994.

PIEPHO, H. P. Analysis of a randomized block design with unequal subclass numbers, **Agronomy Journal**, v. 89, p. 718-723, 1997.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2005. 326 p.

RESENDE, M. D. V. de. Avanços da biométrica florestal. In: ENCONTRO SOBRE TEMAS DE GENÉTICA E MELHORAMENTO, 1997, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 1997a, p. 20-46.

RESENDE, M. D. V. de. Melhoramento genético de essências florestais. In: SANTOS, J. B. SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1997, Lavras. **Anais...** Lavras: Universidade Federal de Lavras, 1997b, p. 59-93.

RESENDE, M. D. V. de. **Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamentos de cruzamento e estrutura de populações no melhoramento florestal**. 1999. 434 f. Tese (Doutorado em Genética) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 1999.

RESENDE, M. D. V. de. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. p. 1-101, (Documentos, 47).

RESENDE, M. D. V. de. Procedimentos ótimos de seleção com dados balanceados e desbalanceados. In: \_\_\_\_\_.(Ed). **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. cap. 7, p. 209-347 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 65 f. (Documentos, 100).

RESENDE, M. D. V. de. Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo no melhoramento de plantas. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADO À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 11., 2005, Londrina. **CDROM**.

RESENDE, M. D. V. de.; PRATES, D. F.; YAMADA, C. K.; JESUS, A. de. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição não viciada (BLUP) em *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 32/33, p. 23-42, 1996.

RESENDE, M. D. V de.; BARBOSA, M. H. P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. 130 p.

RIOS, M. C. D. **Alternativas de procedimentos estatísticos para avaliação de genótipos em programas de melhoramento genético vegetal**. 1997. 59 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

ROBINSON, G. K. That BLUP is a good thing: the estimation of random effects. **Statistical Science**, v. 6, n. 1, p. 15-51, 1991.

ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista Árvore**, v. 31, n. 6, p. 977-98, 2007.

SCARPINATI, E. A.; PERECIN, D.; PAULA, R. C.; PAVAN, B. E.; CANDIDO, L. S. Influências do modelo de análise e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de *Eucayptus* spp. **Revista Árvore**, Viçosa, 2009. (Aceito para publicação).

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C. E. **Variance components**. New York: John Wiley & Sons, 1992. 501p.

SILVA, V. M. P.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B.; SILVA, F. B. Estimation of competition parameters in common bean plants. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, n.4, p. 360-366, 2007.

SOUZA, E. A. de; GERALDI, I. O.; RAMALHO, M. A. P. Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.9, p. 1765-1771, 2000.

SOUZA JR., C. L. **Componentes de variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba : FEALQ, 1989. 134 p.

STORCK, L.; STECKLING, C.; ROVERSI, T.; LOPES, S. J. Utilização do método de Papadakis na melhoria da qualidade experimental de ensaios com soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 5, p. 581-587, 2008.

TOMÉ, M. A.; BUENO FILHO, J. S. S.; FERREIRA, D. F. Blocos fixos ou aleatórios? O caso do ensaio em látice no melhoramento vegetal. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 26, n. 3, p. 576-584, 2002.

VIVALDI, L. J. Comparação entre métodos de análises espacial de experimentos de campo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.25, n.1, p. 77-84, 1990.

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement.** Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 1989. 363 p.



## **CAPÍTULO 2 – USO DE MODELOS MISTOS NA AVALIAÇÃO E ORDENAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR**

**RESUMO** – Modelos mistos são utilizados para descrever dados de experimentos cuja estrutura envolve alguns fatores que são fixos e alguns que são aleatórios, independentemente da média e do erro. Nesse contexto, a avaliação genética de plantas com base em modelos mistos do tipo REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/ melhor predição linear não-viesada) tem merecido atenção especial dos pesquisadores. O objetivo deste trabalho foi aplicar a metodologia de modelos mistos sob duas modelagens de efeitos de tratamentos (genótipos fixos/ blocos aleatórios e genótipos aleatórios/ blocos fixos - REML/BLUP) em experimentos de melhoramento de cana-de-açúcar e comparar com a análise tradicional de experimentos agrícolas, no que se refere aos parâmetros genéticos obtidos e a ordenação dos genótipos avaliados. Foram utilizados dados da rede de ensaios estaduais pertencentes ao programa de melhoramento do Centro de Cana do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), instalados em 2002. O delineamento foi em blocos casualizados, com 3 repetições. As parcelas foram constituídas de 5 linhas de 8 metros, espaçadas entre si de 1,50m. O atributo TCH (toneladas de cana/ha) foi avaliado no 1º e 3º cortes. Para a realização da análise tradicional, foi utilizado o procedimento GLM do programa SAS®. Já o processo de estimação-predição por modelos mistos foi obtido pelo procedimento MIXED do programa SAS®. Não houve diferenças entre a análise tradicional e a análise via modelo misto considerando genótipos como fator fixo. Os parâmetros avaliados e o ordenamento dos genótipos foram idênticos. No entanto, a análise realizada pelo método REML/BLUP reduziu a amplitude entre as médias dos genótipos e provocou algumas alterações no ordenamento, mas em relação aos parâmetros as diferenças foram pequenas.

**Palavras-chave:** *Saccharum ssp*, modelos mistos, REML/BLUP, “shrinkage”.

## 1 – INTRODUÇÃO

Nos programas de melhoramento de cana-de-açúcar grande número de clones são avaliados todos os anos, em experimentos realizados em diferentes ambientes de produção. Os dados de diversos atributos de produtividade e qualidade de matéria prima avaliados são utilizados para selecionar os melhores clones, que poderão se tornar cultivares específicas para cada região produtora. Essa fase de avaliação constitui uma etapa avançada do programa, denominada de ensaios regionais pelos programas de melhoramento. Durante esse processo de avaliações é necessário a adoção de métodos precisos de análise estatística, a fim de se garantir com maior confiabilidade a recomendação dos genótipos superiores.

De maneira geral, no melhoramento de plantas boa parte das análises têm sido realizadas baseadas em modelo fixo para a estimação de médias de tratamentos, mesmo quando estes forem obtidos por amostragem numa população. Isto é, em situações que o modelo é tipicamente misto, pois inclui além de efeitos fixos (por exemplo, locais, épocas e blocos), efeitos aleatórios dos genótipos (DUARTE & VENCOVSKY, 2001). Entretanto, quando se faz uso da metodologia de modelos mistos o fator genótipos pode ser considerado fixo, uma vez que o fator blocos ou qualquer outro fator do modelo, além do erro experimental, seja tomado como aleatório. Ou ainda, pode ser tomado como aleatório, caso se considere algum outro fator, com exceção da média geral, como fixo.

A definição de alguns conceitos como fixos ou aleatórios, no entanto, gera polêmica na comunidade científica. DUARTE (2000) fez uma extensa revisão sobre assunto, e recomenda que deve haver um bom entrosamento entre melhoristas e biometristas para se evitar possíveis equívocos decorrentes de uma escolha inadequada. De acordo com PIEPHO (1997), a vantagem de assumir blocos aleatórios, é a possibilidade de se fazer inferências mais amplas. Contudo quando os blocos não são uma amostra aleatória, por exemplo, em blocos contíguos, inferências amplas

podem ser equivocadas. Em razão disso o autor sugere que na dúvida, parece mais razoável adotar blocos como fixos.

Segundo TOMÉ et al. (2002), quando o interesse está no ordenamento das predições dos valores genéticos (aleatórios) para auxiliar a seleção, o efeito de blocos deve ser tomado como fixo. Outra razão para se considerar efeito de genótipos como aleatório e blocos fixos, está no fato de que as predições dos efeitos aleatórios são direcionadas à média geral, devido a um estreitamento da dispersão das respostas genótípicas médias preditas, fenômeno conhecido como “shrinkage”, que penaliza predições baseadas em pequenas amostras (RESENDE, 2005).

Na modelagem mista, a predição dos valores genéticos dos candidatos à seleção é realizada através de componentes de variância conhecidos ou estimados com precisão. De acordo com RESENDE (2000), o procedimento ótimo de predição de valores genéticos é o obtido pelo BLUP (melhor preditor linear não-viesado) e o procedimento ótimo de estimação de componentes e variância é o REML (máxima verossimilhança restrita).

O presente trabalho teve como objetivo aplicar a metodologia de modelos mistos sob duas modelagens de efeitos de tratamentos (genótipos fixos/ blocos aleatórios e genótipos aleatórios/ blocos fixos - REML/BLUP) em experimentos de melhoramento de cana-de-açúcar e comparar com a análise tradicional de experimentos agrícolas, no que se refere aos parâmetros genéticos obtidos e a ordenação dos genótipos avaliados.

## 2 – MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados de alguns experimentos que constituíram a rede de ensaios estaduais do ano de 2002, conduzidos pelo programa de melhoramento de cana-de-açúcar do IAC (Centro de Cana – Ribeirão Preto-SP). Os experimentos foram instalados no período de 01/03/2002 a 08/04/2002, ou seja, ciclo de cana de ano e meio, em sete locais, sendo cinco municípios no estado de São Paulo (Catanduva, Cosmópolis, Sales Oliveira, Motuca e Pradópolis), um município no estado de Minas Gerais (Delta) e um município no estado de Goiás (Goianésia).

Cada experimento foi instalado com vinte genótipos: quinze clones IAC (denominados pelos números de 1 a 15) e cinco cultivares padrões sendo, três fixos (denominados de 16 a 18) e dois móveis, que variaram de acordo com o local do experimento (denominados de 19 a 26). Quatro padrões móveis foram avaliados em apenas uma localidade e por essa razão, mesmo fazendo parte das análises, foram excluídos do ordenamento.

O delineamento experimental, em todos os experimentos, foi o de blocos completos casualizados, com 3 repetições, e bordaduras nas laterais dos blocos. A casualização dos genótipos, em cada bloco, foi feita uma única vez, repetindo-se a mesma em todos os locais. Assim, em cada bloco, os genótipos tiveram os mesmos vizinhos em todos os locais (exceto, padrões móveis).

As parcelas experimentais foram constituídas de cinco linhas de oito metros, espaçadas entre si de 1,50m, perfazendo uma área útil de 60m<sup>2</sup>. O atributo TCH (toneladas de cana/ha), em t.ha<sup>-1</sup>, foi medido pesando-se os colmos sem o ponteiro, e avaliado no 1º e 3º cortes, referentes à época média de colheita (inverno). Em todos os locais os cortes foram realizados de forma manual com a cana queimada, exceto no município de Sales Oliveira, onde a colheita foi mecanizada com a cana crua.

Para realização da análise tradicional (método dos mínimos quadrados) foi considerado o modelo matemático a seguir:  $y_{ik(j)} = \mu + g_i + l_k + (gl)_{ik} + b(l)_{jk} + e_{ik(j)}$ , em

que:  $y_{ik(j)}$  é o valor observado na repetição da parcela que recebeu o i-ésimo genótipo, no k-ésimo local e no j-ésimo bloco dentro do k-ésimo local;  $\mu$  e  $e_{ik(j)}$  são, respectivamente, a constante (média geral) e o erro experimental associado a todas as observações. As estimativas foram obtidas pelo procedimento GLM do programa SAS® (SAS 9.1, SAS Institute, Cary, NC, USA). A rotina de análise pode ser resumida assim: proc glm; by corte; class L B G; (define os fatores classificatórios: local, bloco e genótipos) model TCH= L G L\*G B(L); (define os efeitos fixos do modelo da análise) random G L\*G; (estima os componentes de variância pelo método III de Henderson) means G / t lines alpha= 0.10; (estima as médias dos genótipos e realiza o teste de comparação múltipla).

O processo de estimação-predição seguiu a metodologia dos modelos mistos (HENDERSON, 1975). Essa metodologia consiste na obtenção de predições dos valores genotípicos tratados como efeito aleatório, corrigidos para os demais efeitos fixos contidos no modelo. As estimativas dos componentes de variância foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita (*Restricted Maximum Likelihood - REML*) descrito por PATTERSON & THOMPSON (1971) e a predição dos valores genotípicos de cada indivíduo foi obtido pelo melhor preditor linear não viesado (BLUP).

O modelo misto é matricialmente representado por:  $y = X\beta + Za + e$ , em que:  $y$ : vetor ( $n \times 1$ ) de observações;  $X$ : matriz ( $n \times p$ ) de incidência dos efeitos fixos  $\beta$ ;  $Z$ : matriz ( $n \times q$ ) de incidência dos efeitos aleatórios  $a$  (genéticos ou ambientais);  $\beta$ : vetor ( $p \times 1$ ) de efeitos fixos a serem estimados;  $a$ : vetor ( $q \times 1$ ) de efeitos aleatórios ou valores genotípicos a serem preditos; e  $e$ : vetor ( $n \times 1$ ) de erros aleatórios associados a cada observação. Assumiu-se que:  $e \sim N_n(0, R)$ , sendo  $R$  a matriz de variâncias e covariâncias residuais, dada por  $R = I\sigma_e$  e  $a \sim N_q(0, G)$ , sendo  $G$  a matriz de variâncias e covariâncias genotípicas dada por:  $G = A\sigma_g^2$ , onde  $\sigma_g^2$  denota a variância genotípica e a matriz  $A$  corresponde à matriz de parentesco genético entre genótipos. Mas, como nos experimentos em estudo não se conhecia a genealogia dos genótipos, assumiu-se que  $A$  é igual à matriz identidade ( $I$ ) e, portanto:  $G = I\sigma_g^2$ .

No modelo em questão é assumido, ainda, não existir covariância entre os desvios residuais ( $e$ ) e efeitos genéticos ( $a$ ), ou seja,  $Cov(a, e) = 0$ . Assim, o sistema de equações de modelo misto (EMM) que permite obter simultaneamente o preditor para efeitos aleatórios ( $\hat{a}$ ) e o estimador dos efeitos fixos ( $\hat{\beta}$ ), é matricialmente

representado por: 
$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1} \sigma_e^2 / \sigma_g^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X' y \\ Z' y \end{bmatrix},$$
 conforme HENDERSON

(1975).

A melhor estimativa linear não-viesada dos efeitos fixos (BLUE) é dada por:  $BLUE(\hat{\beta}) = (X'V^{-1}X)^{-1} X'V^{-1}y$ , em que:  $V = V_{(y)} = ZGZ' + R$  (HENDERSON et al., 1959).

E a melhor predição linear não-viesada (BLUP) é igual:  $BLUP(\hat{a}) = GZ'V^{-1}(y - X\hat{\beta})$ , sendo:  $GZ' = Cov(y, a)$ , segundo HENDERSON (1963).

Os estimadores iterativos dos componentes de variância,  $\sigma_g^2$  e  $\sigma_e^2$ , por REML, utilizados nesse estudo, foram obtidas pelo algoritmo EM (Expectation Maximization), pelas expressões:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{y'y - \hat{\beta}'X'y - \hat{a}'Z'y}{n - r(X)}; \quad \hat{\sigma}_g^2 = \frac{\hat{a}'A^{-1}\hat{a} + \hat{\sigma}_e^2 tr(A^{-1}C^{22})}{q},$$
 em que:

$r(X)$ : posto da matriz  $X$ ;  $tr(\cdot)$ : traço da matriz;  $C^{22}$ : matriz dos coeficientes das

equações do modelo misto, dado por: 
$$C = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1} \sigma_e^2 / \sigma_g^2 \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix},$$

conforme RESENDE (2002).

As análises foram realizadas pelo procedimento MIXED do programa SAS<sup>®</sup> (SAS 9.1, SAS Institute, Cary, NC, USA), sob duas especificações: 1) análise com genótipos fixos e blocos aleatórios; 2) análise com genótipos aleatórios e blocos fixos (metodologia REML/BLUP). As rotinas de análise podem ser resumidas assim: 1) análise considerando genótipos fixos e blocos aleatórios (as partes em negrito são específicas de cada análise; as não destacadas se repetem): `proc mixed; by corte; class L B G; (define os valores classificatórios: local, bloco e genótipos) model TCH= G G*L; (definem os efeitos fixos do modelo da análise) random L B(L); (definem os`

efeitos de local e blocos dentro de locais como aleatórios) **lsmeans** G G\*L; (estima as médias para efeitos fixos de genótipos e da interação) run; 2) análise REML/BLUP: **model** TCH= L B(L); (redefinem os efeitos fixos do modelo da análise) **random** G G\*L/**solution**; (definem clones e interação como aleatórios e estima as diferenças de predições em relação à média geral - BLUP).

Os parâmetros adotados para comparação entre as análises foram: os valores de significância do teste F para efeito de genótipos e da interação genótipos x locais; as variâncias genóticas ( $\sigma_G^2$ ), da interação genótipos x locais ( $\sigma_{G \times L}^2$ ) e residuais ( $\sigma_e^2$ ), (QM resíduo); a herdabilidade no sentido amplo ( $h^2$ ); o coeficiente de variação CV (%) e a média geral dos genótipos.

O ordenamento dos genótipos, presentes em no mínimo dois locais, para as três análises realizadas foram obtidos e comparados, assim como foram calculadas a amplitude entre as médias dos genótipos, ou seja, a diferença entre as médias do primeiro e do último colocado no ordenamento.

### 3 – RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas análises realizadas com os dados de TCH no 1º corte (Tabela 1) foi possível verificar que o valor de significância de F para os fatores genótipo e interação genótipo x local obtidos pela análise tradicional foram inferiores aos encontrados pela análise via modelo misto, considerando genótipo fator fixo, indicando que a análise por modelo misto discriminou melhor as diferenças entre esses fatores. Já no 3º corte (Tabela 2), os valores de F encontrados para o fator genótipo foram semelhantes nas duas análises.

A variância genotípica estimada pela metodologia REML/BLUP foi relativamente alta nos dois cortes, sendo 91,87 para o 1º corte (Tabela 1) e 80,61, para o 3º corte (Tabela 2), de modo que as estimativas de herdabilidade no sentido amplo obtidas foram: 0,41 e 0,43, respectivamente, para o 1º e 3º cortes. No entanto, as estimativas dos componentes de variância obtidos pela metodologia tradicional foram maiores, sendo obtidos 105,88 no 1º corte (Tabela 1) e 85,70 no 3º corte (Tabela 2), o que proporcionou maiores valores de herdabilidade (0,45) para os dois cortes. SCARPINATI (2007) também observou estimativas da variância genotípica iguais ou ligeiramente superiores pelo método dos mínimos quadrados comparado ao REML/BLUP em testes clonais de eucalipto. Já ROCHA et al. (2006) obtiveram resultados iguais ou pouco maiores na metodologia REML/BLUP.

As variâncias ambientais obtida pelas três metodologias apresentaram estimativas exatamente iguais, sendo 91,65 no 1º corte (Tabela 1), e 66,15 no 3º corte (Tabela 2), indicando a elevada semelhança das três metodologias em relação à obtenção de parâmetros genéticos nessa população, para o atributo estudado. Resultados similares foram encontrados por SCARPINATI (2007).

As estimativas da média geral e do coeficiente de variação, também foram iguais nas três metodologias. O coeficiente de variação no 1º corte foi 8,30% (Tabela 1) e no 3º corte foi 10,31% (Tabela 2). Esses valores indicam boa precisão experimental, de acordo com a classificação proposta por COUTO et al. (2008).



**Tabela 1** - Resumo de três análises estatísticas para o atributo TCH, no 1º corte, em colheita de inverno, para genótipos de cana-de-açúcar, em sete locais.

Parâmetros	Análise Tradicional	Modelo Misto – G fixo	Modelo Misto– G aleatório (REML/BLUP)
F (genótipo)	20,72**	22,47**	-
$\sigma_G^2$	105,88	-	91,87
F (G x L)	2,28**	8,19**	-
$\sigma_{GxL}^2$	39,11	-	38,14
$\sigma_e^2$	91,65	91,65	91,65
$h^2$	0,45	-	0,41
$R^2$	0,88	-	-
CV (%)	8,30	8,30	8,30
Média geral	115,25	115,25	115,25
Amplitude entre genótipos	44,29	44,29	39,26
<b>Ordenamento</b>	<b>Médias (TCH) /Genótipos</b>		
1º	133,27 (7)	133,28 (7)	131,33 (7)
2º	131,68 (2)	131,68 (2)	129,88 (2)
3º	131,06 (22)	131,07 (22)	122,84 (13)
4º	125,94(21)	125,94 (21)	120,56 (1)
5º	123,88 (13)	123,88 (13)	120,12 (4)
6º	121,35 (1)	121,35 (1)	119,52 (12)
7º	120,87 (4)	120,87 (4)	118,99 (18)
8º	120,21 (12)	120,21 (12)	118,03 (5)
9º	119,61 (18)	119,61 (18)	117,93 (16)
10º	118,55 (5)	118,55 (5)	117,88 (14)
11º	118,44 (16)	118,45 (16)	117,66 (19)
12º	118,39 (14)	118,39 (14)	117,64 (22)
13º	117,73 (15)	117,73 (15)	117,28 (15)
14º	116,89 (19)	116,89 (19)	115,92 (21)
15º	113,45 (9)	113,45 (9)	115,76 (20)
16º	111,42 (6)	111,42 (6)	113,42 (9)
17º	111,36 (20)	111,36 (20)	111,59 (6)
18º	107,64 (11)	107,64 (11)	108,17 (11)
19º	107,27 (17)	107,27 (17)	107,83 (17)
20º	104,93 (10)	104,93 (10)	105,72 (10)
21º	92,70 (8)	92,70 (8)	94,67 (8)
22º	89,82 (3)	89,82 (3)	92,07 (3)

G=genótipos; L= locais;  $\sigma_G^2$  = variância genotípica,  $\sigma_{GxL}^2$  = variância da interação;  $\sigma_e^2$  = variância residual,  $R^2$ = coeficiente de determinação \*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

**Tabela 2** - Resumo de três análises estatísticas para o atributo TCH, no 3º corte, em colheita de inverno, para genótipos de cana-de-açúcar, em sete locais.

Parâmetros	Análise Tradicional	Modelo Misto – G fixo	Modelo Misto – G aleatório (REML/BLUP)
F (genótipo)	23,35**	23,23**	-
$\sigma_G^2$	85,70	-	80,61
F (G x L)	2,67**	5,74**	-
$\sigma_{GxL}^2$	36,93	-	36,47
$\sigma_e^2$	66,15	66,15	66,16
h <sup>2</sup>	0,45	-	0,43
R <sup>2</sup>	0,89	-	-
CV (%)	10,31	10,31	10,31
Média geral	78,88	78,88	78,88
Amplitude entre genótipos	35,60	35,60	31,45
Ordenamento	Médias (TCH) /Genótipos		
1º	93,44 (22)	93,44 (22)	90,73 (22)
2º	91,31 (7)	91,31 (7)	89,60 (7)
3º	89,68 (4)	89,68 (4)	88,12 (4)
4º	89,16 (13)	89,16 (13)	87,65 (13)
5º	88,97 (1)	88,97 (1)	87,48 (1)
6º	88,77 (2)	88,77 (2)	87,30 (2)
7º	87,71 (18)	87,71 (18)	86,63 (21)
8º	86,36 (19)	86,36 (19)	86,34 (18)
9º	85,11 (20)	85,11 (20)	82,75 (5)
10º	84,05 (21)	84,05 (21)	81,71 (20)
11º	83,75 (5)	83,75 (5)	79,89 (17)
12º	80,60 (17)	80,60 (17)	78,87 (9)
13º	79,47 (9)	79,47 (9)	78,81 (19)
14º	75,72 (16)	75,72 (16)	75,48 (16)
15º	75,60 (12)	75,60 (12)	75,37 (12)
16º	73,76 (14)	73,76 (14)	73,70 (14)
17º	72,87 (15)	72,87 (15)	72,89 (15)
18º	72,77 (6)	72,77 (6)	72,80 (6)
19º	68,41 (11)	68,41 (11)	68,85 (11)
20º	68,23 (8)	68,23 (8)	68,69 (8)
21º	64,32 (10)	64,32 (10)	65,15 (10)
22º	57,85 (3)	57,85 (3)	59,28 (3)

G= genótipos; L= locais;  $\sigma_G^2$  = variância genotípica,  $\sigma_{GxL}^2$  = variância da interação;  $\sigma_e^2$  = variância residual, R<sup>2</sup>= coeficiente de determinação \*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

A amplitude, ou seja, a diferença entre a maior e a menor média dos genótipos no ordenamento, foi 11,35% menor no 1º corte (Tabela 1) e 11,65% menor, no 3º corte (Tabela 2), na análise REML/BLUP, quando comparadas às outras duas análises. Isso provavelmente ocorreu devido ao estreitamento das médias previstas, provocado pelo BLUP, que faz com que as diferenças existentes entre os genótipos fiquem menores e sejam decorrentes mais de efeitos genéticos do que ambientais (RESENDE, 2005).

As metodologias de análise tradicional e modelo misto, com genótipos fixos, proporcionaram o mesmo ordenamento dos genótipos e as mesmas médias individuais para todos os genótipos, nos dois cortes avaliados (Tabelas 1 e 2).

No entanto pela metodologia REML/BLUP houve algumas alterações importantes no ordenamento dos genótipos. No 1º corte, as mudanças de posição mais drásticas ocorreram com os padrões móveis 21 e 22, que ocupavam, respectivamente, a 4º e a 3º colocação nas análises tradicional e modelo misto, com genótipo fixo. Na análise REML/BLUP esses padrões caíram respectivamente para a 14º e 12º colocações (Tabela 1). Provavelmente, isso ocorreu pelo fato dos mesmos estarem representados em poucos locais. O padrão 21 esteve presente em três locais e o padrão 22 em apenas dois locais. Dessa forma, apesar de tais genótipos terem apresentado elevada produção estimada pelas metodologias tradicional e modelo misto com genótipo fixo, os mesmos foram penalizados pela metodologia REML/BLUP, devido ao estreitamento dos valores genotípicos médios previstos (“shrinkage”) (RESENDE, 2005). Esse fato acabou alterando completamente o ordenamento dos genótipos, a partir do 3º até o 14º colocado, em duas posições.

No 3º corte (Tabela 2), não foram observadas alterações no posicionamento dos seis primeiros genótipos, e nem do 14º ao 22º colocados no ordenamento. É comum em fases avançadas de seleção e de corte, os genótipos posicionados nas primeiras e nas últimas colocações coincidirem independentemente da metodologia de análise, devido entre outros fatores, ao início da estabilidade de produção. Já no grupo intermediário devido à alta similaridade entre os materiais é mais difícil a discriminação entre os mesmos, por isso são observados maiores alterações de posicionamento em

genótipos medianos, principalmente em ordenamentos obtidos por diferentes métodos de análise.

Ainda em relação ao 3º corte é importante destacar que o padrão móvel 22 manteve a primeira colocação na análise REML/BLUP, como observado nas outras duas metodologias. Mesmo estando representado em apenas dois, dos sete locais, esse padrão não caiu de posição no ordenamento, provavelmente por ser uma cultivar que conhecidamente apresenta excelente brotação de soqueira, além de ser muito responsiva em melhores ambientes, apresentando boa adaptabilidade e estabilidade de produção.

#### 4 – CONCLUSÕES

- Não houve diferenças entre a análise tradicional e a análise realizada por modelo misto considerando genótipos como fator fixo, quanto aos parâmetros genéticos e o ordenamento dos genótipos obtidos.
- A análise REML/BLUP reduziu a amplitude entre os genótipos e provocou pequenas alterações no ordenamento destes. No entanto, em relação às estimativas dos componentes de variâncias, as diferenças foram pequenas.

## 5 – REFERÊNCIAS

COUTO, M. F.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura da cana-de-açúcar. REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO BRASILEIRA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA (RBRAS), 53., 2008, Lavras. **CDROM**.

DUARTE, J. B. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. 2000. 293 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2000.

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, v. 58, n. 1, p. 109-117, 2001.

HENDERSON, C. R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S. R.; VON KROSIGK, C. M. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, v. 13, n. 1, p. 192-218, 1959.

HENDERSON, C. R. Selection index and expected genetic advance. **Statistical Genetics and Plant Breeding**, p. 141-163, 1963.

HENDERSON, C. H. Best linear estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.

PIEPHO, H. P. Analysis of a randomized block design with unequal subclass numbers. **Agronomy Journal**, v. 89, p. 718-723, 1997.

RESENDE, M. D. V. de. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. p. 1-101, (Documentos, 47).

RESENDE, M. D. V. de. Procedimentos ótimos de seleção com dados balanceados e desbalanceados. In: \_\_\_\_\_.(Ed). **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. cap. 7, p. 209-347 p.

RESENDE, M. D. V. de. Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo no melhoramento de plantas. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADO À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 11., 2005, Londrina. **CDROM**.

ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D.; ROCHA, R. B. Avaliação genética de progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* utilizando os procedimentos REML/BLUP e E(QM). **Ciência Florestal**, v. 16, n. 4, p. 369-379.

SCARPINATI, E. A. **Influência do modelo de análise estatística e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de *Eucalyptus* spp.** 2007. 58 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias. Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2007.

TOMÉ, M. A.; BUENO FILHO, J. S. S.; FERREIRA, D. F. Blocos fixos ou aleatórios? O caso do ensaio em látice no melhoramento vegetal. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 26, n. 3, p. 576-584, 2002.

### **CAPÍTULO 3 – INFLUÊNCIA DO ARRANJO DOS GENÓTIPOS NO CAMPO E DA METODOLOGIA DE ANÁLISE ESTATÍSTICA NO ORDENAMENTO EM CANA-DE-ACÚCAR**

**RESUMO** – Nos experimentos de campo com clones de cana-de-açúcar, em fase final de seleção, normalmente as parcelas são instaladas com três a oito linhas. Dessa forma, genótipos diferentes ficam lado a lado, ocorrendo tanto alocompetição nas linhas adjacentes, como a autocompetição entre os genótipos idênticos nas linhas centrais da parcela. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi verificar a influência da alocompetição e avaliar alterações no ordenamento dos genótipos de cana-de-açúcar, em função do arranjo dos genótipos no campo e da metodologia estatística empregada na análise. Foram utilizados dados da rede de ensaios estaduais pertencentes ao programa de melhoramento de cana-de-açúcar do Centro de Cana do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), instalados em 2002. O delineamento foi em blocos casualizados, com 3 repetições. A casualização dos genótipos, por bloco, foi feita uma única vez, assim os genótipos tiveram sempre os mesmos vizinhos em todos locais. As parcelas foram constituídas de 5 linhas de 8 metros, espaçadas entre si de 1,50m. O atributo TCH (toneladas de cana/ha) foi avaliado no 1º e 3º cortes. As análises estatísticas foram realizadas pelo método tradicional (mínimos quadrados ordinários) e por modelo misto (REML/BLUP). Foram observadas pequenas alterações no ordenamento dos genótipos, comparando-se os dois métodos de análise. Entre os diferentes arranjos de casualização, houve algumas alterações significativas de posicionamento devido a interação genótipo x local e efeitos da competição intergenotípica, mas, no geral, a influência da alocompetição em parcelas de cinco linhas foi pequena.

**Palavras-chave:** *Saccharum ssp.*, casualização, alocompetição, REML/BLUP.



## 1 – INTRODUÇÃO

Nos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, os experimentos de campo com clones em fase final de seleção, normalmente são instalados em parcelas de 3 a 8 linhas. Dessa forma, genótipos diferentes ficam lado a lado, ocorrendo tanto alocompetição, ou seja, competição entre genótipos diferentes nas linhas adjacentes, como a autocompetição entre os genótipos idênticos nas linhas centrais da parcela.

Há evidências, ainda em estudo, indicando que a alocompetição entre linhas adjacentes de cana-de-açúcar pode interferir na avaliação dos genótipos. Com outras culturas, isso já está certificado. PERECIN et al. (1997) verificaram diferenças significativas entre os arranjos das linhas em auto e alocompetição, em experimentos com sintéticos de milho. Ou seja, a forma de arranjo das linhas produziu efeitos diferentes nos atributos de produtividade avaliados. BISOGNIN et al. (1995) observaram respostas diferenciadas à competição intergenotípica em diferentes misturas de cultivares de soja. Da mesma forma, SILVA et al. (2007) concluíram que embora a performance média de linhagens de feijão em autocompetição tenha sido semelhante à da alocompetição, as linhagens diferiram na resposta à alocompetição.

Além da busca do melhor arranjo experimental e da avaliação dos efeitos da competição intra e intergenotípica, metodologias de análise estatística que minimizem a interferência de fatores ambientais nos resultados da seleção, com o objetivo de selecionar de fato os melhores genótipos, têm sido demandados no melhoramento de plantas. Nesse sentido, SCARPINATI et al. (2009) estudaram o comportamento de clones de eucalipto em diferentes delineamentos experimentais e verificaram alterações no ordenamento dos clones, conforme o sistema de convivência dos mesmos, ou seja, sob auto ou alocompetição e de acordo com a metodologia estatística empregada nas análises.

RESENDE (2005) recomenda o uso dos modelos mistos, a exemplo do que já ocorre rotineiramente no melhoramento animal. Por meio desta metodologia, é possível

obter estimativas para os efeitos fixos e predições para os efeitos aleatórios do modelo. Segundo o autor, o método de predição de valores genéticos, denominado predição linear não viesada (BLUP) e o procedimento ótimo de estimação de componentes de variância denominado máxima verossimilhança restrita (REML) são fundamentais, pois permitem a predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos dos candidatos a seleção, propiciando uma seleção mais acurada.

Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi verificar a influência da alocompetição e avaliar alterações no ordenamento dos genótipos de cana-de-açúcar em fase final de seleção, em experimentos com parcelas de 5 linhas, em função do arranjo dos genótipos no campo e da metodologia estatística empregada na análise.

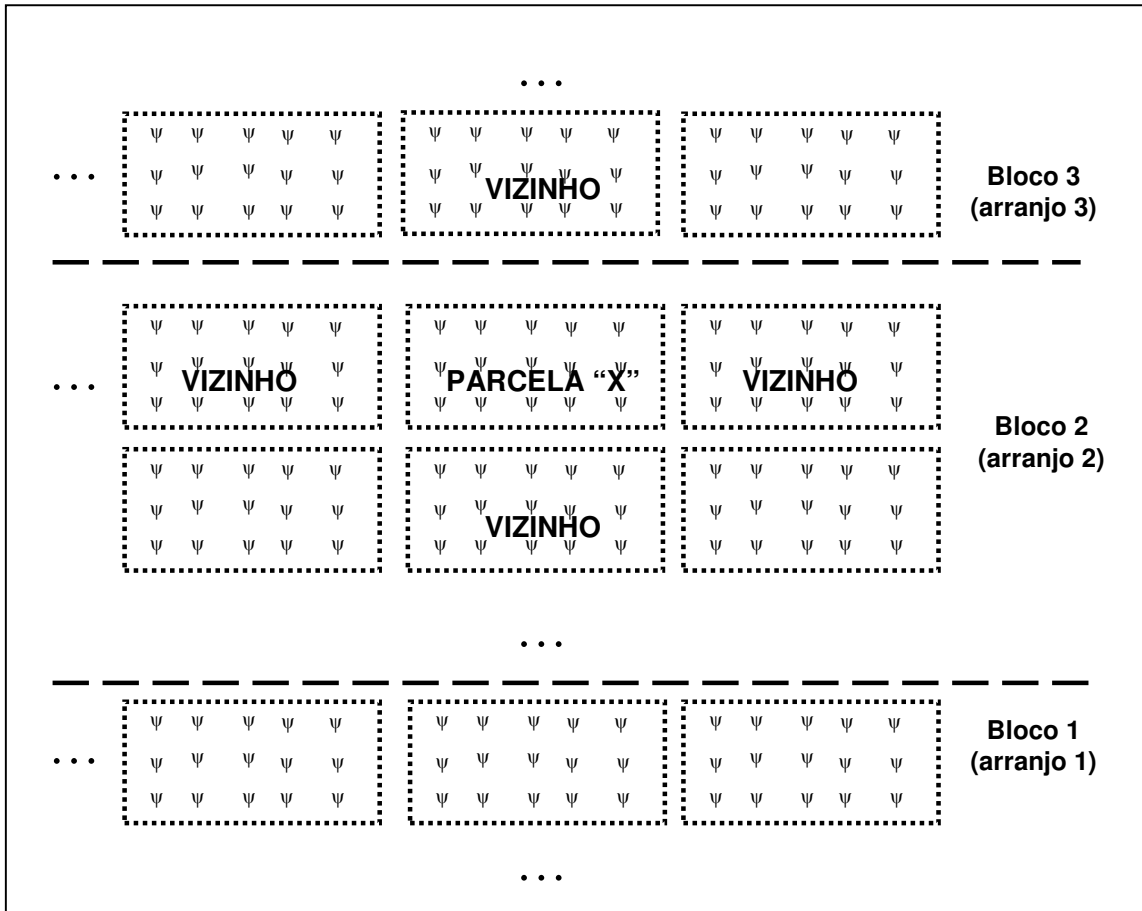
## 2 – MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados de alguns experimentos que constituíram a rede de ensaios estaduais do ano de 2002, conduzidos pelo programa de melhoramento de cana-de-açúcar do IAC (Centro de Cana – Ribeirão Preto-SP). Os experimentos foram instalados no período de 01/03/2002 a 08/04/2002, ou seja, ciclo de cana de ano e meio, em sete locais, sendo cinco municípios no estado de São Paulo (Catanduva, Cosmópolis, Sales Oliveira, Motuca e Pradópolis), um município no estado de Minas Gerais (Delta) e um município no estado de Goiás (Goianésia).

Cada experimento foi instalado com vinte genótipos: quinze clones IAC (denominados pelos números de 1 a 15) e cinco cultivares padrões sendo, três fixos (denominados de 16 a 18) e dois móveis, que variaram de acordo com o local do experimento (denominados de 19 a 26). Quatro padrões móveis foram avaliados em apenas uma localidade e por essa razão, mesmo fazendo parte das análises, foram excluídos do ordenamento.

O delineamento experimental adotado, em todos os experimentos, foi o de blocos completos casualizados, com 3 repetições, e bordaduras nas laterais dos blocos. A casualização dos genótipos, em cada bloco, foi feita uma única vez, repetindo-se a mesma em todos os locais. Assim, em cada bloco, os genótipos tiveram os mesmos vizinhos em todos os locais (exceto, padrões móveis). Dessa forma, os blocos “1”, “2” e “3” foram denominados, respectivamente, de “arranjo 1”, “arranjo 2” e “arranjo 3”, conforme esquema apresentado na Figura 1.

As parcelas experimentais foram constituídas de cinco linhas de oito metros, espaçadas entre si de 1,50m, perfazendo uma área útil de 60m<sup>2</sup>. O atributo TCH (toneladas de cana/ha), em t.ha<sup>-1</sup>, foi medido pesando-se os colmos sem o ponteiro, e avaliado no 1º e 3º cortes, referentes à época média de colheita (inverno). Em todos os locais, os cortes foram realizados de forma manual com a cana queimada, exceto no município de Sales Oliveira, onde a colheita foi mecanizada com a cana crua.



**Figura 1** - Esquema dos arranjos dos genótipos nos experimentos, exemplificando as quatro parcelas vizinhas mais próximas à uma hipotética parcela de referência "x" .

Os dados dos sete locais foram analisados conjuntamente, segundo duas metodologias de análise estatística: a) análise de variância tradicional, obtida pelo método dos mínimos quadrados ordinários; b) modelos mistos (metodologia REML/BLUP). Todas as análises foram realizadas utilizando-se o programa SAS® (SAS 9.1, SAS Institute, Cary, NC, USA).

Para a realização da análise de variância tradicional, foi utilizado o procedimento GLM, por meio da rotina: proc glm; by bloco corte; class L G; (define os fatores classificatórios: local e genótipos) model TCH= L G; (definem os efeitos do modelo de

análise) means G / T lines alpha=0.10; (estima as médias e realiza o teste de comparação múltipla entre os genótipos) run;

O processo de estimação-predição seguiu a metodologia dos modelos mistos (HENDERSON, 1975). Essa metodologia consiste na obtenção de predições dos valores genotípicos tratados como efeito aleatório, corrigidos para os demais efeitos fixos contidos no modelo, no caso: local. As estimativas dos componentes de variância foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita (*Restricted Maximum Likelihood* - REML) descrito por PATTERSON & THOMPSON (1971). O melhor preditor linear não viesado (BLUP) dos valores genotípicos de cada indivíduo foi obtido por meio da rotina de análise: proc mixed; by bloco corte; class L G; (define os fatores classificatórios: local e genótipos) model TCH= L; (define os efeitos fixos do modelo da análise) random G /solution; (define genótipos como efeito aleatório e estima as diferenças de predições em relação à média geral - BLUP).

Dessa forma foram obtidos: estatísticas F para efeitos de genótipos; variâncias genotípicas e ambientais; coeficiente de variação CV(%); diferenças mínimas significativas entre genótipos (DMS), que foram estimadas pelo teste "t", a 10% de probabilidade, para avaliar se alterações na ordenação dos genótipos seriam meramente casuais. Também foram estimados os coeficientes de correlação de Pearson entre a média de TCH da parcela dos genótipos avaliados e as parcelas vizinhas à direita e à esquerda, retirando-se o efeito individual de genótipos e locais (correlação residual), a fim de avaliar a existência e a magnitude de efeitos da alocompetição, nos três diferentes arranjos.

### 3 – RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas análises realizadas para o 1º corte (Tabela 1), foi possível verificar pela análise tradicional, que o “arranjo 2” discriminou melhor as diferenças entre os genótipos, pois apresentou maior valor de F. Esse mesmo arranjo também apresentou maior média geral, menor CV e menor variância ambiental, que foi 16,45% inferior ao “arranjo 3” que obteve a maior variância ambiental.

A metodologia REML/BLUP também detectou o “arranjo 2” como o de menor variância ambiental e maior variância genotípica comparado aos arranjos 1 e 3. As médias gerais e os CVs, nos três arranjos, foram iguais aos obtidos pela análise tradicional.

Com relação a amplitude (diferença entre a maior e a menor média no ordenamento) o “arranjo 2” apresentou o maior valor na análise tradicional, 25,26% superior à obtida no “arranjo 3”. Já pela metodologia REML/BLUP o valor da amplitude do “arranjo 2” foi semelhante à do “arranjo 3” e as duas, inferiores àquela obtida no “arranjo 1”.

Os três arranjos apresentaram menores amplitudes no modelo REML/BLUP em relação ao tradicional, fenômeno conhecido como “shrinkage” em que, as predições dos efeitos aleatórios são forçadas em direção a média geral (RESENDE, 2005). O “arranjo 2” apresentou a maior redução (36,60%). Na análise conjunta realizada com esses mesmos dados, considerando os três arranjos, houve uma redução de 11,35% na amplitude estimada pela metodologia REML/BLUP em relação ao modelo tradicional (CANDIDO et al., 2007).

As médias, bem como o ordenamento dos genótipos sofreram modificações de acordo com a metodologia de análise e arranjo considerados. Em relação as metodologias de análise verifica-se que o REML/BLUP penalizou alguns padrões menos representados nos experimentos. O padrão 21 caiu de posição em todos os arranjos, chegando a perder nove posições no “arranjo 2”. O padrão 22 que na análise tradicional ocupou a 5ª colocação nos arranjos 1 e 3, caiu respectivamente para a 16ª

**Tabela 1** - Resumo de duas análises estatísticas para o atributo TCH, no 1º corte, em colheita de inverno, para genótipos de cana-de-açúcar, em sete locais e três blocos, sendo um arranjo diferente por bloco.

Parâmetros	ANOVA tradicional			Metodologia REML/BLUP		
	Arranjo 1	Arranjo 2	Arranjo 3	Arranjo 1	Arranjo 2	Arranjo 3
F (G)	5,52	6,05	5,53	-	-	-
$\sigma_G^2$	-	-	-	102,10	110,98	103,06
$\sigma_e^2$	130,34	112,53	134,69	128,99	114,39	131,84
R <sup>2</sup>	0,79	0,83	0,78	-	-	-
CV (%)	9,90	9,15	10,13	9,90	9,15	10,13
Média geral	115,25	115,94	114,54	115,25	115,94	114,54
Amplitude	49,57	58,94	44,05	41,99	37,37	37,25
Ordenação	Médias (TCH) /Genótipos					
1º	138,22 (7)	146,64 (22)	133,07 (2)	134,54 (7)	128,49 (7)	130,08 (2)
2º	132,25 (2)	130,58 (7)	131,02 (7)	129,48 (2)	127,73 (2)	128,35 (7)
3º	126,89 (21)	129,71 (2)	124,31 (1)	124,18 (13)	126,62 (22)	122,66 (1)
4º	125,99 (13)	128,94 (21)	124,03 (18)	121,36 (16)	122,06 (20)	122,43 (18)
5º	123,33 (22)	123,06 (18)	123,23 (22)	120,25 (12)	121,93 (18)	121,55 (13)
6º	122,68 (16)	122,65 (13)	122,99 (13)	119,50 (4)	121,58 (13)	120,99 (5)
7º	121,35 (12)	121,44 (4)	122,32 (5)	117,91 (14)	120,52 (4)	120,03 (12)
8º	120,47 (4)	121,20 (1)	122,00 (21)	117,87 (1)	120,31 (1)	119,61 (4)
9º	118,60 (14)	120,38 (14)	121,19 (12)	116,51 (21)	119,59 (14)	119,44 (15)
10º	118,55 (1)	119,82 (5)	120,70 (4)	116,14 (19)	119,11 (5)	117,89 (19)
11º	116,98 (19)	118,85 (20)	120,49 (15)	114,82 (15)	118,19 (16)	115,79 (14)
12º	114,94 (15)	118,77 (16)	117,97 (19)	114,61 (9)	117,96 (19)	113,86 (16)
13º	114,69 (9)	118,08 (12)	116,18 (14)	113,61 (5)	117,92 (21)	113,31 (22)
14º	113,51 (5)	177,75 (15)	113,90 (16)	113,41 (20)	117,60 (12)	113,24 (21)
15º	112,88 (6)	115,76 (6)	111,35 (9)	113,08 (6)	117,30 (15)	111,98 (20)
16º	112,07 (11)	115,72 (19)	107,97 (17)	112,67 (22)	115,57 (6)	111,71 (9)
17º	111,75 (18)	114,29 (9)	106,16 (20)	112,39 (11)	114,29 (9)	108,85 (17)
18º	109,07 (20)	110,22 (11)	105,62 (6)	112,12 (18)	110,75 (11)	106,87 (6)
19º	108,16 (10)	108,58 (17)	103,34 (10)	109,08 (10)	109,32 (17)	104,94 (10)
20º	105,25 (17)	103,28 (10)	100,62 (11)	106,61 (17)	104,69 (10)	102,64 (11)
21º	93,13 (8)	95,94 (8)	93,10 (3)	96,35 (8)	98,29 (8)	96,28 (3)
22º	88,65 (3)	87,70 (3)	89,02 (8)	92,55 (3)	91,12 (3)	92,83 (8)
DMS (10%)	10,14	9,42	10,31	-	-	-

G = genótipo;  $\sigma_G^2$  = variância genotípica;  $\sigma_e^2$  = variância residual.

colocação no arranjo 1 e para a 13<sup>ª</sup> no “arranjo 3” na análise REML/BLUP. No entanto, no “arranjo 2” caiu apenas duas posições, de 1<sup>ª</sup> para 3<sup>ª</sup> colocado (Tabela 1). Na análise conjunta realizada com esses mesmos dados por CANDIDO et al. (2007), também foi constatada a queda desses dois padrões na análise REML/BLUP, os quais não apareceram nem mesmo entre os 10 primeiros colocados nessa análise.

A inexpressiva queda de posição do padrão 22 no “arranjo 2” em relação aos outros arranjos pode ter ocorrido em função da alta produção observada no método tradicional (146,64 t.ha<sup>-1</sup>), embora tenha sido penalizado pela metodologia REML/BLUP, uma vez que a predição estimada foi de 126,62 t.ha<sup>-1</sup>. Outra possibilidade pode ser atribuída à ocorrência de interação genótipo x local maior que o esperado. O padrão 22 esteve presente em apenas duas localidades situadas na mesma região em solos classificados como latossolos argilosos. No entanto, em um deles o ambiente de produção foi caracterizado como B2 por LANDELL et al., (2005), o que conferiu produção superior à média geral (121,23 t.ha<sup>-1</sup>), e em outra o ambiente de produção foi caracterizado como E2 (LANDELL et al. 2005), resultando em produção inferior à média geral (114,01 t.ha<sup>-1</sup>), no 1<sup>º</sup> corte. Sabe-se que essa cultivar é responsiva, dependente principalmente do fator umidade do solo por possuir sistema radicular superficial (VASCONCELOS, 1998).

Uma interação com os blocos pode ter ocorrido também no caso do padrão 18 que, embora presente em todos os locais (padrão fixo), teve pior desempenho no “arranjo 1”, nas duas metodologias de análise.

Embora com algumas modificações no ordenamento, principalmente em relação aos padrões, no geral a concordância entre as metodologias de análise foi satisfatória. Entre os arranjos, foi constatado que os clones 7, 2 e 13 coincidiram no grupo dos genótipos superiores (1<sup>º</sup> ao 7<sup>º</sup> colocado no ordenamento), nos três arranjos nas duas análises estatísticas. Já o padrão 22 coincidiu no grupo superior, nos três arranjos, apenas na análise tradicional. A diferença mínima significativa (DMS) obtida, em média nos três arranjos, foi aproximadamente 10,0 t.ha<sup>-1</sup>. Como os primeiros colocados nos arranjos 1 e 2, tiveram produção bem superior comparado ao 1<sup>º</sup> colocado no “arranjo



3”, pôde-se verificar um maior número de alterações significativas nesses arranjos, no grupo dos genótipos superiores.

É comum inversões de posicionamento em grupos intermediários no ordenamento, pois geralmente, genótipos nessas posições são mais similares, o que dificulta a discriminação entre os mesmos. No grupo intermediário (entre o 8º e o 14º colocado), foram observadas apenas duas coincidências de genótipos nos três arranjos, nas duas metodologias, enquanto que no grupo inferior (15º ao 22º colocado), foram observadas seis coincidências.

As análises realizadas para o 3º corte estão apresentadas na Tabela 2. Na metodologia tradicional o “arranjo 1” apresentou o maior de valor F e a menor variância ambiental, valores semelhantes foram obtidos no “arranjo 2”. A variância ambiental e o CV obtidos para o “arranjo 3” foram superiores em relação aos arranjos 1 e 2, e a média geral do “arranjo 2” foi a maior, concordando com o 1º corte.

A variância genotípica do “arranjo 3”, estimada pela metodologia REML/BLUP foi maior, no entanto próxima àquela obtida no “arranjo 1”. Por outro lado, a variância genotípica inferior do “arranjo 2”, foi um resultado oposto ao que ocorreu no 1º corte (Tabela 1). A variância ambiental do “arranjo1” foi menor, seguida pelo “arranjo 2”.

Com relação às amplitudes, “o arranjo 2” apresentou o menor valor, nas duas metodologias de análise, diferentemente do 1º corte, em que o “arranjo 2” na análise tradicional apresentou amplitude superior aos demais arranjos (Tabela 1). No 3º corte, o “arranjo 1” apresentou a maior amplitude, nas duas metodologias de análise, chegando a ser 24,40% superior ao “arranjo 2” na metodologia tradicional (Tabela 2).

Os três arranjos apresentaram reduções na amplitude, com o modelo REML/BLUP em relação ao tradicional. A maior redução foi observada no “arranjo 1”, que caiu 19,40%, em relação ao mesmo arranjo na análise tradicional. Na análise conjunta, para o 3º corte com esses dados, foi observada uma redução de 11,65% na amplitude da metodologia REML/BLUP (CANDIDO et al., 2007).

Em relação ao ordenamento dos genótipos foi possível verificar que a redução causada pela metodologia REML/BLUP nos padrões menos representados foi inferior a ocorrida no 1º corte. O padrão 22, por exemplo, caiu apenas uma posição no “arranjo

**Tabela 2** - Resumo de duas análises estatísticas para o atributo TCH, no 3º corte, em colheita de inverno, para genótipos de cana-de-açúcar, em sete locais e três blocos, sendo um arranjo diferente por bloco.

Parâmetros	ANOVA tradicional			Metodologia REML/BLUP		
	Arranjo 1	Arranjo 2	Arranjo 3	Arranjo 1	Arranjo 2	Arranjo 3
F (G)	5,99	5,41	5,16	-	-	-
$\sigma_G^2$	-	-	-	86,41	77,66	87,04
$\sigma_e^2$	95,57	96,09	115,20	94,52	96,14	114,42
R <sup>2</sup>	0,80	0,79	0,80	-	-	-
CV (%)	12,31	12,19	13,97	12,31	12,19	13,97
Média geral	79,39	80,40	76,83	79,39	80,40	76,83
Amplitude	40,36	30,52	37,14	32,53	25,93	31,27
Ordenação	Médias (TCH) /Genótipos					
1º	96,11 (22)	92,74 (4)	92,71 (7)	90,92 (22)	90,48 (4)	89,75 (7)
2º	92,33 (1)	92,15 (22)	92,05 (22)	90,03 (1)	88,82 (13)	87,28 (22)
3º	91,62 (7)	90,78 (13)	89,58 (13)	89,71 (21)	88,55 (22)	87,12 (13)
4º	90,76 (18)	90,03 (5)	88,35 (2)	89,42 (7)	88,18 (5)	86,09 (2)
5º	90,24 (21)	89,91 (19)	86,34 (4)	88,67 (18)	87,82 (7)	84,39 (4)
6º	89,99 (2)	89,61 (7)	85,40 (19)	88,01 (2)	87,55 (1)	84,00 (21)
7º	89,97 (4)	89,29 (1)	85,29 (1)	87,99 (4)	86,44 (2)	83,51 (1)
8º	87,18 (20)	87,98 (2)	84,58 (18)	85,54 (13)	86,28 (18)	82,91 (18)
9º	87,13 (13)	87,79 (18)	82,69 (20)	82,94 (20)	84,42 (17)	78,99 (5)
10º	83,77 (19)	85,61 (17)	80,97 (21)	81,03 (17)	83,53 (21)	78,97 (20)
11º	81,91 (17)	85,45 (20)	79,93 (5)	80,49 (5)	82,49 (20)	78,29 (19)
12º	81,29 (5)	82,03 (9)	77,77 (9)	78,17 (9)	82,25 (19)	77,17 (9)
13º	78,61 (9)	80,94 (21)	77,21 (12)	77,79 (16)	81,38 (9)	76,70 (12)
14º	78,18 (16)	78,04 (6)	74,33 (16)	75,87 (19)	77,99 (6)	74,28 (16)
15º	75,68 (12)	75,87 (14)	74,23 (17)	75,64 (12)	76,14 (14)	74,23 (17)
16º	73,81 (11)	75,85 (15)	73,92 (15)	74,01 (11)	76,13 (15)	73,94 (15)
17º	73,39 (14)	74,67 (16)	72,02 (14)	73,65 (14)	75,12 (16)	72,34 (14)
18º	70,92 (8)	73,92 (12)	71,28 (6)	71,52 (8)	74,49 (12)	71,71 (6)
19º	68,97 (6)	71,64 (11)	65,56 (8)	69,85 (6)	72,55 (11)	66,90 (8)
20º	68,83 (15)	68,21 (8)	63,32 (10)	69,71 (15)	69,63 (8)	65,01 (10)
21º	67,34 (10)	62,32 (10)	59,80 (11)	68,42 (10)	64,63 (10)	62,05 (11)
22º	55,75 (3)	62,22 (3)	55,57 (3)	58,39 (3)	64,55 (3)	58,48 (3)
DMS (10%)	8,68	8,71	9,53	-	-	-

G = genótipo;  $\sigma_G^2$  = variância genotípica;  $\sigma_e^2$  = variância residual.

2” no REML/BLUP, no entanto se manteve sempre nas três primeiras colocações nos três arranjos, nas duas metodologias (Tabela 2). Sabe-se que esse padrão caracteriza-se por possuir excelente brotação de soqueira. Já o padrão 21 subiu de posição nos três arranjos na análise REML/BLUP. No “arranjo 3” saiu da 10<sup>ª</sup> para a 6<sup>ª</sup> colocação. Na análise conjunta realizada para o 3<sup>º</sup> corte por CANDIDO et al. (2007), também não foram observadas grandes alterações no ordenamento desses padrões entre as metodologias estatísticas. Nesse trabalho, o padrão 22 se manteve como 1<sup>º</sup> colocado nas duas metodologias e o padrão 21, da 10<sup>ª</sup> colocação na análise tradicional passou para a 7<sup>ª</sup> colocação na análise REML/BLUP.

As modificações ocorridas no ordenamento dos genótipos, em relação às metodologias avaliadas foram menores no 3<sup>º</sup> corte, ou seja, houve concordância satisfatória entre os modelos. Foram quatro os genótipos coincidentes no grupo superior, nos três arranjos, na metodologia tradicional (clones 1, 7 e 4 o padrão 22). Na análise REML/BLUP foram cinco, os mesmos da análise tradicional além do clone 2. No grupo intermediário houve duas coincidências na análise tradicional e três na análise REML/BLUP. No grupo inferior foram seis coincidências nas duas metodologias.

Entre os arranjos, no 3<sup>º</sup> corte, o clone 5 assumiu melhores colocações no “arranjo 2” comparado aos arranjos 1 e 3. (Tabela 2). Essa alteração de posicionamento nos diferentes arranjos pode ser devida a alocompetição estabelecida entre o clone e seus vizinhos, uma vez que os vizinhos do clone 5, no “arranjo 2” foram os clones 3 e 12, considerados fracos competidores. Principalmente o clone 3, que apresentou o pior desempenho em todos os arranjos e metodologias. No “arranjo 1” o clone 5 teve como vizinho mais próximo o clone 2, com alta produção, sempre posicionado no grupo superior. Assim, o clone 2 pode ter suprimido a produção do clone 5 nesse bloco. No “arranjo 3” os vizinhos do clone 5, o clone 15 e o padrão 16, são considerados bons competidores, baseado nas suas produções.

Em relação ao 1<sup>º</sup> corte, alguns clones subiram de posição no 3<sup>º</sup> corte, se estabilizando no grupo superior. Foi o caso dos clones 1, 4 e clone 5 principalmente no “arranjo 2”. Segundo LANDELL et al. (2005), esses três clones, atualmente cultivares

comerciais, apresentam excelente brotação de soqueira e produção de TCH ao longo dos cortes.

A DMS média, nos três arranjos foi  $8,97 \text{ t.ha}^{-1}$ , no entanto, devido à estabilização da produção não foi possível verificar nenhuma diferença significativa entre os sete primeiros colocados no ordenamento, nos três arranjos.

As correlações residuais entre as parcelas do genótipo de referência e os vizinhos laterais à direita e à esquerda, foram negativos nos arranjos 1 e 2, no entanto de baixa magnitude, para os dados de 1º corte (Tabela 3). Mas, no 3º corte as correlações foram negativas nos três arranjos, atingindo valores próximos a -0,2 (Tabela 3). FASOULA (1990) encontrou correlações negativas entre a autocompetição e a alocompetição, para produção em genótipos de trigo. Embora os valores de correlação obtidos nesse trabalho sejam baixos, estes sugerem a existência de uma competição prejudicial entre as parcelas vizinhas, situação não desejada para a escolha de genótipos que serão plantados comercialmente, apenas em autocompetição. No entanto, como a magnitude da alocompetição foi pequena, parcelas de cinco linhas em que só duas estão em alocompetição, parecem ser eficientes para avaliação de genótipos de cana-de-açúcar, em experimentos, nas fases finais de seleção.

**Tabela 3** - Coeficientes de correlação de Pearson entre as parcelas dos genótipos de referência (X) e os vizinhos à direita (VLD) e à esquerda (VLE), nos arranjos “1”, “2” e “3”, para o atributo TCH, no 1º corte (acima da diagonal) e 3º corte (abaixo da diagonal), em época média, para genótipos de cana-de-açúcar, em sete locais.

<b>ARRANJO 1</b>			
	<b>Genótipos “X”</b>	<b>VLD</b>	<b>VLE</b>
<b>Genótipos “X”</b>	----	-0,1323	-0,0562
<b>VLD</b>	-0,0512	----	-0,0172
<b>VLE</b>	-0,0649	-0,1927	----
<b>ARRANJO 2</b>			
	<b>Genótipos “X”</b>	<b>VLD</b>	<b>VLE</b>
<b>Genótipos “X”</b>	----	-0,1239	-0,0854
<b>VLD</b>	-0,1421	----	0,0823
<b>VLE</b>	-0,1082	-0,1652	----
<b>ARRANJO 3</b>			
	<b>Genótipos “X”</b>	<b>VLD</b>	<b>VLE</b>
<b>Genótipos “X”</b>	----	0,1500	0,0646
<b>VLD</b>	-0,0257	----	-0,0636
<b>VLE</b>	-0,1524	-0,1303	----

#### 4 – CONCLUSÕES

- A metodologia REML/BLUP reduziu a amplitude entre os genótipos nos três arranjos e penalizou os padrões menos representados, principalmente no 1º corte, causando alterações no ordenamento em relação à análise tradicional.
- Entre os diferentes arranjos de casualização, houve alterações significativas de posicionamento devido a interação genótipo x locais e a alocompetição estabelecida por alguns genótipos com clones de performance inferior, no “arranjo 2”.
- Os efeitos de alocompetição detectados em parcelas de cinco linhas foram pequenos, indicando ser essa uma boa dimensão para parcelas de cana-de-açúcar, permitindo a continuidade do seu uso em ensaios de competição.

## 5 – REFERÊNCIAS

BISOGNIN, D. A.; VERNETTI, F. J.; GASTAL, M. F. C.; ZONTA, E. P. Competição intergenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 30, n. 7, p. 947-955, 1995.

CANDIDO, L. S.; PERECIN, D.; LANDELL, M. G. A.; PAVAN, B. E. Uso de modelos mistos na avaliação e ordenação de genótipos de cana-de-açúcar. In: REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO BRASILEIRA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA (RBRAS), 52., e SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADO A EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA (SEAGRO), 12., 2007, Santa Maria. **CDROM**.

FASOULA, D. A. Correlations between auto-, allo- and nil-competition and their implications in plant breeding. **Euphytica**, v. 50, p. 57-62, 1990.

HENDERSON, C. H. Best linear estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975.

LANDELL, M. G. A.; CAMPANA, M. P.; FIGUEIREDO, P.; VASCONCELOS, A. C. M.; XAVIER, M. A.; BIDOIA, M. A. P.; PRADO, H.; SILVA, M. A.; DINARDO-MIRANDA, L. L.; SANTOS, A. S.; PERECIN, D.; ROSSETTO, R.; SILVA, D. N.; MARTINS, A. L. M.; GALLO, P. B.; KANTHACK, R. A. D.; CAVICHIOLI, J. C.; VEIGA FILHO, A. A.; ANJOS, I. A.; AZANIA, C. A. M.; PINTO, L. R.; SOUZA, S. A. C. D. **Variedades de cana-de-açúcar para o Centro-Sul do Brasil: 15ª liberação do Programa Cana IAC (1959-2005)**. Campinas: Instituto Agronômico, 2005. 33 p. (Boletim Técnico, 197).

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.

PERECIN, D.; MALHEIROS, E. B.; FERREIRA, J. M.; MÔRO, J. B. Um delineamento para avaliações de auto e alocompetição em plantas. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 15, n. 1, p. 195-200, 1997.

RESENDE, M. D. V. de. Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo no melhoramento de plantas. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADO À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 11., 2005, Londrina. **CDROM**.

SCARPINATI, E. A.; PERECIN, D.; PAULA, R. C.; PAVAN, B. E.; CANDIDO, L. S. Influências do modelo de análise e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de *Eucalyptus* spp. **Revista Árvore**, Viçosa, 2009. (Aceito para publicação).

SILVA, V. M. P e.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SILVA, F. B. Estimation of competition parameters in common bean plants. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, n. 4, p. 360-366, 2007.

VASCONCELOS, A. C. M. **Comportamento de clones IAC e variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) nas condições edafoclimáticas da região do Vale do Paranapanema**. 1998. 108 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 1998.



## **CAPÍTULO 4 – ANÁLISES DE VIZINHANÇA NA AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR**

**RESUMO** – Estratégias de análise que modelam a dependência espacial, na forma de covariância, têm sido sugeridas no melhoramento de plantas, a fim de aumentar a precisão experimental. O objetivo deste trabalho foi estudar diferentes covariáveis de competição em análises de vizinhança e verificar a eficiência dessas análises no aumento da precisão experimental e as conseqüências no ordenamento de genótipos de cana-de-açúcar. Foram utilizados dados da rede de ensaios estaduais pertencente ao programa de melhoramento de cana-de-açúcar do Centro de Cana do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), instalados em 2002. O delineamento foi em blocos casualizados, com 3 repetições. As parcelas foram constituídas de 5 linhas de 8 metros, espaçadas entre si de 1,50m. O atributo TCH (toneladas de cana/ha) foi avaliado no 1º e 3º cortes. As covariáveis (“lateral”, “ponta” e “4 vizinhos”) foram incluídas nas metodologias de Papadakis e duas variações do método Médias Móveis: Médias Móveis 1 e Médias Móveis 2. Os métodos de Papadakis e Médias Móveis 1 não alteraram a precisão experimental quando comparado com a análise sem covariáveis. O método Médias Móveis 2 reduziu a variância ambiental, mas alterou as estimativas da variância genotípica e o ordenamento, podendo induzir a conclusões equivocadas na seleção. Embora, a covariável “lateral” tenha sido influente nos efeitos da competição, o reflexo em parcelas de cinco linhas é pequeno.

**Palavras-chave:** *Saccharum* ssp., covariância, precisão experimental, Papadakis, Médias Móveis.

## 1 – INTRODUÇÃO

O sucesso dos programas de melhoramento de plantas depende, dentre outros fatores, da realização de ensaios de campo e metodologias de análise eficientes, visando a correta detecção dos genótipos superiores que futuramente poderão ser lançados comercialmente.

Assim, desde o planejamento dos experimentos é necessário adotar medidas que procurem minimizar os efeitos do erro experimental. Entre essas medidas estão a repetição, a casualização e o controle local dos tratamentos em teste, chamados de princípios básicos da experimentação (STORCK et al., 2000). Entretanto, mesmo adotando esses cuidados pode ocorrer um aumento indesejável do erro experimental, devido a variações causadas por fatores não controláveis, como por exemplo, a heterogeneidade do solo ou das parcelas, ou ainda a competição entre e dentro das parcelas experimentais.

A análise tradicional dos experimentos de campo não considera que as observações tomadas em plantas ou parcelas vizinhas sejam correlacionadas, uma vez que uma das pressuposições que se assume no modelo é a independência entre os erros. Deste modo, estratégias de análise que modelam a dependência espacial na forma de análise de covariância, tem sido sugeridas no melhoramento de plantas a fim de exercer maior controle local e aumentar a precisão experimental. Nessas análises, considera-se que os efeitos do erro experimental sejam tão mais semelhantes quanto mais próximas estejam localizadas as parcelas (COSTA et al., 2005). De acordo com RESENDE (2000), esse tipo de análise permite corrigir os dados de uma forma tal que as variações devidas à covariável sejam minimizadas, ou até mesmo anuladas, fornecendo deste modo, estimativas corretas dos componentes de variância e de outros parâmetros que através desta são obtidos.

Os métodos de Papadakis e Médias Móveis têm sido os mais utilizados em dados simulados (VIVALDI, 1990) ou em dados de campo de culturas agronomicamente importantes, como milho, feijão e soja (AMARO et al., 1997, SOUZA

et al., 2000, CARGNELUTTI FILHO et al., 2003, COSTA et al., 2005, STORCK et al., 2008). A diferença entre os dois é que o método de Papadakis corrige o valor observado de cada parcela, pelo efeito residual existente nas parcelas vizinhas, enquanto que, no método das Médias Móveis, o valor de cada parcela é corrigido pela média dos valores das parcelas vizinhas. O número de vizinhos considerado no cálculo das covariáveis de competição também é um fator questionável. De acordo com VIVALDI (1990), este número é aquele até onde o processo de criação da covariável se mostra eficiente, e isto pode variar de local para local, ou mesmo dentro de um experimento.

Se analisarmos o princípio da casualização, poder-se-ia considerar que num experimento delineado, a análise de covariância pudesse ser ignorada. No entanto, devido a existência de estudos que evidenciaram a contribuição desse tipo de análise na redução do erro experimental, em culturas anuais (SOUZA et al., 2000, CARGNELUTTI FILHO et al., 2003 e STORCK et al., 2008), estudos nesse sentido fazem-se necessários para a cultura da cana-de-açúcar, que possui comportamento semi-perene, com o objetivo de serem utilizadas com segurança nos programas de melhoramento.

O objetivo deste trabalho foi estudar diferentes formas de cálculo de covariáveis de competição e aplicá-las nas metodologias de análise de vizinhança: Papadakis, Médias Móveis 1 e Médias Móveis 2, para verificar a eficiência dessas análises no aumento da precisão experimental, bem como as conseqüências no ordenamento de genótipos de cana-de-açúcar, em experimentos de melhoramento genético.

## 2 – MATERIAL E MÉTODOS

Para realização das análises, foram utilizados dados de sete experimentos que constituíram a rede de ensaios estaduais do ano de 2002, conduzidos pelo programa de melhoramento de cana-de-açúcar do IAC (Centro de Cana – Ribeirão Preto-SP). Os experimentos foram instalados no período de 01/03/2002 a 08/04/2002, ou seja, ciclo de cana de ano e meio, em sete locais, sendo cinco municípios no estado de São Paulo (Catanduva, Cosmópolis, Sales Oliveira, Motuca e Pradópolis), um município no estado de Minas Gerais (Delta) e um município no estado de Goiás (Goianésia).

Cada experimento foi instalado com vinte genótipos: quinze clones IAC (denominados pelos números de 1 a 15) e cinco cultivares padrões sendo, três fixos (denominados de 16 a 18) e dois móveis, que variaram de acordo com o local do experimento (denominados de 19 a 26). Quatro padrões móveis foram avaliados em apenas uma localidade e por essa razão, mesmo fazendo parte das análises, foram excluídos do ordenamento.

O delineamento experimental, em todos os experimentos, foi o de blocos completos casualizados, com 3 repetições, e bordaduras nas laterais dos blocos. A casualização dos genótipos, em cada bloco, foi feita uma única vez, repetindo-se a mesma em todos os locais. Assim, em cada bloco, os genótipos tiveram os mesmos vizinhos em todos os locais (exceto, padrões móveis).

As parcelas experimentais foram constituídas de cinco linhas de oito metros, espaçadas entre si de 1,50m, perfazendo uma área útil de 60m<sup>2</sup>. O atributo TCH (toneladas de cana/ha), em t.ha<sup>-1</sup>, foi medido pesando-se os colmos sem o ponteiro, e avaliado no 1º e 3º cortes, referentes à época média de colheita (inverno). Em todos os locais os cortes foram realizados de forma manual com a cana queimada, exceto no município de Sales Oliveira, onde a colheita foi mecanizada com a cana crua.

Para fins de comparação com a análise clássica, sem a inclusão de covariáveis de competição, foram considerados os métodos de análise de vizinhança, baseados em

análise de covariância pelas metodologias Papadakis, Médias Móveis 1 e Médias Móveis 2, descritos a seguir.

O método de Papadakis consiste em corrigir a produção de cada parcela pela média dos resíduos das parcelas vizinhas. Dessa forma, o resíduo de cada parcela foi calculado, usando a expressão:  $R_{(i,j)} = Y_{(i,j)} - \hat{Y}_{(i,.)}$ , em que:  $R_{(i,j)}$  corresponde ao resíduo da parcela com o i-ésimo tratamento e a j-ésima repetição;  $Y_{(i,j)}$  é igual ao valor observado na parcela com o i-ésimo tratamento e a j-ésima repetição;  $\hat{Y}_{(i,.)}$  é a média das parcelas com o i-ésimo tratamento. Obtidos os valores dos  $R_{(i,j)}$  de cada parcela, os mesmos foram posicionados segundo a casualização realizada para cada bloco e cada um dos sete experimentos, assim as médias calculadas puderam servir como covariável de competição.

O método das Médias Móveis foi utilizado segundo duas formas de cálculo de correção das parcelas, denominado neste trabalho de Médias Móveis 1 e Médias Móveis 2. O método Médias Móveis 1 consistiu em corrigir a produção de cada parcela pela média dos valores observados nas parcelas vizinhas, assim o próprio valor obtido dessa média foi utilizado como covariável. Já no método Médias Móveis 2 a covariável correspondeu à diferença entre o valor da produção observada na parcela e a média da produção dos vizinhos. Por exemplo, considerando dois vizinhos, à direita e à esquerda de uma parcela qualquer, temos:  $Z_{ab} = Y_{ab} - \frac{1}{2} (Y_{eb} + Y_{db})$ , em que  $Y_{eb}$  e  $Y_{db}$ , são valores observados à esquerda e à direita da parcela “ab”, respectivamente. Dessa forma,  $Z_{ab}$  corresponde ao valor de uma covariável Z associada a parcela “ab”, na forma descrita por VIVALDI (1990).

Nos três modelos de análise de vizinhança descritos foram incluídos três diferentes covariáveis de competição, isoladas e em associação. A diferença entre cada covariável foi basicamente o número de vizinhos considerados para o cálculo da média ou resíduo médio (método de Papadakis) e a posição desses vizinhos em relação à parcela. Assim temos: a) covariável “lateral”: média ou resíduo médio de TCH das duas parcelas laterais à parcela objeto (vizinhos localizados à direita e à esquerda da parcela); b) covariável “ponta”: média ou resíduo médio de TCH das duas parcelas vizinhas nas pontas das linhas em relação à parcela objeto (nesse caso os vizinhos

podiam pertencer ou não ao mesmo bloco da parcela objeto); c) covariável “4 vizinhos”: média ou resíduo médio de TCH das quatro parcelas mais próximas à parcela objeto. Para as parcelas localizadas nas extremidades dos blocos a bordadura existente não foi incluída no cálculo das covariáveis, sendo que nesses casos foram considerados a média ou resíduo médio de uma, duas ou três parcelas vizinhas, dependendo do caso.

A análise conjunta, combinando os dados dos sete locais, sem a inclusão de covariáveis de competição e posteriormente considerando cada covariável isoladamente e as três associadas nos métodos de vizinhança: Papadakis, Médias Móveis 1 e Médias Móveis 2, seguiram o processo de estimação-predição dos modelos mistos (HENDERSON, 1975). Essa metodologia consiste na obtenção de predições dos valores genotípicos tratados como efeito aleatório, corrigidos para os demais efeitos fixos contidos no modelo, no caso: blocos e covariáveis de competição. As estimativas dos componentes de variância foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita (*Restricted Maximum Likelihood* - REML) descrito por PATTERSON & THOMPSON (1971). O melhor preditor linear não viesado (BLUP) dos valores genotípicos de cada indivíduo foi obtido utilizando-se o comando Random.../ SOLUTION do procedimento MIXED do programa SAS® (SAS 9.1, SAS Institute, Cary, NC, USA).

A comparação entre os métodos de análise de vizinhança e sua eficiência em aumentar a precisão experimental em relação à análise clássica, foi realizada com base nas estimativas da variância genotípica, variância da interação genótipos x locais, variância residual (quadrado médio do resíduo), herdabilidade no sentido amplo, e coeficiente de variação. Foram estimados os valores de significância pelo teste F para as três covariáveis de competição adotadas, isoladamente e as três associadas. Também foram obtidos os coeficientes de regressão linear ( $b$ ) entre a variável TCH de cada tratamento e a covariável em questão. Para os nove ordenamentos obtidos, conforme cada método de vizinhança e covariável foram calculadas as correlações de Spearman ( $r$ ) entre a ordenação de cada análise e da análise clássica (sem covariáveis), a fim de avaliar as eventuais alterações de posicionamento dos genótipos nos ordenamentos.

### 3 – RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas análises de 1º corte (Tabela 1), a variância ambiental estimada pelos métodos de Papadakis e Médias Móveis 1 incluindo separadamente as covariáveis “lateral”, “ponta” e “4 vizinhos”, foram similares ou ligeiramente superiores (até 0,52%) em relação a variância ambiental estimada pela análise sem covariáveis de competição. Já no 3º corte (Tabela 2), a maioria das covariáveis provocaram redução na variância ambiental. No entanto a maior redução foi inferior a 2%, com a covariável “ponta”, na metodologia de Papadakis. O ligeiro aumento da variância ambiental observado em alguns casos, normalmente não ocorre em análises de covariância, mas pode ser explicado pelo fato dos graus de liberdade do resíduo das análises com covariáveis serem uma unidade inferior à análise clássica e os efeitos dessas covariáveis serem baixos.

COSTA et al. (2005) obtiveram reduções, em média, de 5,5% e 6,2 % na variância ambiental, respectivamente para os métodos de Papadakis e Médias Móveis, em experimentos com progênies de feijão e milho. No entanto, CARGNELUTTI FILHO et al. (2003), utilizando Papadakis em ensaios de competição de cultivares de milho observaram reduções na variância ambiental de até 57,4%, incluindo cinco diferentes tipos de covariáveis no modelo. STORCK et al. (2008) também relataram eficiência satisfatória do método de Papadakis na melhoria das estatísticas que retratam a precisão experimental, em ensaios com soja.

Ao contrário do observado nas outras metodologias, o método Médias Móveis 2 provocou fortes reduções, entre 30,40% a 63,91%, na variância ambiental, no 1º corte (Tabela 1) e de 31,89% a 56,27% no 3º corte (Tabela 2), ao incluir as covariáveis. Os coeficientes de variação estimados por essa metodologia, com qualquer uma das covariáveis, também foram menores em comparação aos outros métodos. Nos dois cortes a covariável “4 vizinhos” proporcionou as maiores reduções. Essas reduções podem ter sido em decorrência de diferenças existentes entre os próprios genótipos e não devido a um controle eficiente da variação ambiental, uma vez que as variâncias

**Tabela 1-** Estimativas das variâncias genóticas ( $\sigma_G^2$ ), interação genótipos x locais ( $\sigma_{GxL}^2$ ) e ambiental ( $\sigma_e^2$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e coeficiente de variação (CV), sem e com o uso de covariáveis de competição pelos métodos de Papadakis, Médias Móveis 1 e Médias Móveis 2 e o valor do teste F para cada coeficiente de regressão entre as respostas das parcelas e a covariável (b), para o atributo TCH no 1º corte, para genótipos de cana-de-açúcar, em sete locais.

Parâmetros	Análise sem covariável	Métodos de Vizinhança		
		Papadakis	Médias Móveis 1	Médias Móveis 2
<b>Covariável "Lateral"</b>				
$\sigma_G^2$	91,87	92,25	91,98	30,25
$\sigma_{GxL}^2$	38,14	39,07	37,96	9,90
$\sigma_e^2$	91,65	91,27	91,98	63,78
$h^2$	0,41	0,41	0,41	0,29
CV (%)	8,30	8,28	8,32	6,78
F	-	0,69 <sup>ns</sup>	0,12 <sup>ns</sup>	293,91 <sup>**</sup>
b	-	-0,0593 <sup>**</sup>	0,0144 <sup>**</sup>	0,4352 <sup>*</sup>
<b>Covariável "Ponta"</b>				
$\sigma_G^2$	91,87	91,64	91,42	20,99
$\sigma_{GxL}^2$	38,14	38,22	37,62	2,01
$\sigma_e^2$	91,65	91,81	92,13	55,12
$h^2$	0,41	0,41	0,4133	0,26
CV (%)	8,30	8,31	8,32	6,31
F	-	0,36 <sup>ns</sup>	0,30 <sup>ns</sup>	512,40 <sup>**</sup>
b	-	0,0389 <sup>*</sup>	-0,0269 <sup>**</sup>	0,5348 <sup>*</sup>
<b>Covariável "4 vizinhos"</b>				
$\sigma_G^2$	91,87	91,70	92,28	8,32
$\sigma_{GxL}^2$	38,14	37,95	38,44	1,64
$\sigma_e^2$	91,65	92,00	91,70	33,07
$h^2$	0,41	0,41	0,41	0,19
CV (%)	8,30	8,32	8,31	4,94
F	-	0,12 <sup>ns</sup>	0,22 <sup>ns</sup>	1164,69 <sup>**</sup>
b	-	0,0324 <sup>*</sup>	0,0369 <sup>**</sup>	0,7437 <sup>ns</sup>

<sup>ns</sup> não- significativo; <sup>\*</sup> Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; <sup>\*\*</sup> Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.



**Tabela 2** - Estimativas das variâncias genóticas ( $\sigma_G^2$ ), interação genótipos x locais ( $\sigma_{GxL}^2$ ) e ambiental ( $\sigma_e^2$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e coeficiente de variação (CV), sem e com o uso de covariáveis de competição pelos métodos de Papadakis, Médias Móveis 1 e Médias Móveis 2 e o valor do teste F para cada coeficiente de regressão entre as respostas das parcelas e a covariável (b), para o atributo TCH no 3º corte, para genótipos de cana-de-açúcar, em sete locais.

Parâmetros	Análise sem covariável	Métodos de Vizinhança		
		Papadakis	Médias Móveis 1	Médias Móveis 2
		<b>Covariável "Lateral"</b>		
$\sigma_G^2$	80,61	80,54	77,83	19,22
$\sigma_{GxL}^2$	36,47	36,36	35,15	2,93
$\sigma_e^2$	66,16	66,38	65,71	43,20
$h^2$	0,44	0,43	0,43	0,2941
CV (%)	10,31	10,33	10,27	8,00
F	-	0,15 <sup>ns</sup>	6,39 <sup>**</sup>	474,84 <sup>**</sup>
b	-	-0,0326 <sup>ns</sup>	-0,1041 <sup>*</sup>	0,4723 <sup>**</sup>
		<b>Covariável "Ponta"</b>		
$\sigma_G^2$	80,61	82,17	81,19	14,55
$\sigma_{GxL}^2$	36,47	36,47	36,84	1,52
$\sigma_e^2$	66,16	65,03	66,16	45,06
$h^2$	0,44	0,44	0,44	0,23
CV (%)	10,31	10,22	10,29	8,27
F	-	5,91 <sup>*</sup>	0,12 <sup>ns</sup>	501,79 <sup>**</sup>
b	-	0,2156 <sup>ns</sup>	0,0161 <sup>**</sup>	0,5334 <sup>ns</sup>
		<b>Covariável "4 vizinhos"</b>		
$\sigma_G^2$	80,61	81,80	78,31	6,53
$\sigma_{GxL}^2$	36,47	36,73	34,81	0,00
$\sigma_e^2$	66,16	65,67	66,75	28,93
$h^2$	0,44	0,44	0,43	0,18
CV (%)	10,31	10,27	10,33	6,70
F	-	2,44 <sup>ns</sup>	2,11 <sup>ns</sup>	1132,89 <sup>**</sup>
b	-	0,1982 <sup>ns</sup>	-0,0964 <sup>**</sup>	0,6770 <sup>*</sup>

<sup>ns</sup> não- significativo; <sup>\*</sup> Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; <sup>\*\*</sup> Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

genotípica e da interação genótipo x locais, estimadas com qualquer covariável por esse método, também foram drasticamente reduzidas quando comparadas às análises realizadas por Papadakis ou Médias Móveis 1 (Tabela 1 e 2). Além disso, a herdabilidade também foi bruscamente reduzida no método Médias Móveis 2, chegando a ficar em torno de 30% da herdabilidade estimada pelos outros métodos, quando se incluiu a covariável “4 vizinhos”.

Em um estudo com dados de campo simulados, VIVALDI (1990) constatou que na ausência de tendência linear e na presença de tendências lineares fraca e cíclica o método Médias Móveis 2 subestimou o erro experimental em níveis não toleráveis, chegando a ficar 7,53% da variância do erro estimada pelo método usual. Em relação a essas alterações nas variâncias ambiental e genotípica, COSTA et al. (2005) comentaram sobre uma possível ocorrência de “overfitting”. Trata-se de um sobreajuste dos dados, que faz com haja perda da capacidade de generalização, retirando do resíduo quantidade similar a que se deve aos genótipos, assim, os genótipos são parametrizados duas vezes, ou seja, na própria parcela e na formação da covariável. Por outro lado, VIVALDI (1990) relata que a eficiência do método Médias Móveis possa ser dependente do número de médias envolvidas do cálculo das covariáveis.

A covariável “lateral” avaliada pelo método Médias Móveis 1 e a covariável “ponta” avaliada pelo Papadakis, apresentaram efeitos significativos pelo teste F, no 3º corte (Tabela 2). Esse resultado indicou que pelo menos algum genótipo teve a produção influenciada por seus vizinhos. O fato de nenhuma covariável ter apresentado efeito significativo no 1º corte, para essas metodologias, indica que possivelmente a capacidade competitiva dos genótipos exija algum tempo para crescimento das raízes no solo. Segundo DONALD (1963), uma planta não compete com outra enquanto o conteúdo de água, nutrientes, luz, temperatura, oxigênio e dióxido de carbono estiverem acima das necessidades de ambas. Mas quando um destes fatores diminui abaixo da demanda necessária das plantas, a competição tem início. O fato da cultura passar anos no campo pode proporcionar no decorrer dos cortes, competição com maior intensidade das raízes por água e nutrientes do solo.

Pelo método Médias Móveis 2 todas as covariáveis apresentaram efeito significativo a 1% de probabilidade, apresentando valores F de elevada magnitude comparado aos outros métodos (Tabelas 1 e 2). Isso evidencia a alta influência das covariáveis, quando aplicadas nessa metodologia.

É importante ressaltar que quando o coeficiente de regressão entre as respostas das parcelas e a covariável, (b), apresentar sinal positivo (+), provavelmente refletirá efeitos de similaridade entre as parcelas adjacentes. No entanto, o “b” negativo (-) sugere que alguma parcela possa estar sofrendo prejuízos, enquanto a parcela vizinha se sobressai, ou vice-versa, em função da competição.

As covariáveis “lateral” (Papadakis) e “ponta” (Médias Móveis 1) no 1º corte (Tabela 1), apresentaram valor negativo, porém de mínima magnitude. No 3º corte (Tabela 2), a covariável “lateral”, avaliada tanto por Papadakis quanto por Médias Móveis 1 apresentou sinal negativo, evidenciando a existência de uma provável competição entre os genótipos, o que pode ser justificado pela faixa de 8m de competição entre os genótipos das linhas adjacentes. Os vizinhos de ponta, por manterem menos contato, provavelmente exerceram menores influências. Já a covariável “4 vizinhos”, no geral, apresentou resultados intermediários, parecendo ser uma compensação das outras duas covariáveis, talvez por seu cálculo incluir o das outras. CARGNELUTTI FILHO et al. (2003), com milho, concluíram após estudar cinco tipos de covariáveis de competição, pelo método de Papadakis, que a covariável da parcela de referência e as quatro laterais mais próximas foram as mais eficientes na redução da variância ambiental.

As análises associando as três covariáveis, nas três metodologias de análise apresentaram a mesma tendência das análises considerando cada covariável separadamente (Tabela 3), ou seja, a maior eficiência em aumentar a precisão experimental foi verificada com a metodologia Médias Móveis 2. No 1º e 3º cortes respectivamente, as reduções na variância ambiental foram de 64% e 56% e os CVs abaixo de 8%. Entretanto, as variâncias genotípica e da interação e a herdabilidade também sofreram quedas bruscas na análise pelo método Médias Móveis 2, evidenciando as possíveis restrições dessa metodologia. Já as reduções verificadas

**Tabela 3** - Estimativas das variâncias genóticas ( $\sigma_G^2$ ), interação genótipos x locais ( $\sigma_{GxL}^2$ ) e ambiental ( $\sigma_e^2$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e coeficiente de variação (CV), com o uso de três covariáveis de competição associadas, pelos métodos de Papadakis, Médias Móveis 1 e Médias Móveis 2 e o valor do teste F para cada coeficiente de regressão entre as respostas das parcelas e a covariável (b), para o atributo TCH no 1º e 3º cortes, para genótipos de cana-de-açúcar, em sete locais.

Parâmetros	Métodos de Vizinhança		
	Papadakis	Médias Móveis 1	Médias Móveis 2
		<b>1º corte</b>	
$\sigma_G^2$	92,44	89,23	8,08
$\sigma_{GxL}^2$	39,04	38,88	1,56
$\sigma_e^2$	90,94	90,73	32,99
$h^2$	0,4156	0,4077	0,1895
CV (%)	8,27	8,25	4,94
F (Lateral)	3,48 <sup>ns</sup>	4,35*	2,82 <sup>ns</sup>
b (Lateral)	-0,0593**	-0,2583*	0,11**
F (Ponta)	2,36 <sup>ns</sup>	5,37*	4,03*
b (Ponta)	0,0389*	-0,3560*	0,17**
F (4 vizinhos)	2,89 <sup>ns</sup>	5,28*	7,96**
b (4 vizinhos)	0,0324*	0,6441*	0,44**
		<b>3º corte</b>	
$\sigma_G^2$	82,03	77,81	6,16
$\sigma_{GxL}^2$	36,42	35,28	0,00
$\sigma_e^2$	65,47	66,06	28,79
$h^2$	0,4460	0,4343	0,1762
CV (%)	10,26	10,27	6,69
F (Lateral)	0,00 <sup>ns</sup>	1,37 <sup>ns</sup>	4,84*
b (Lateral)	0,0039 <sup>ns</sup>	-0,1458 <sup>ns</sup>	0,1645 <sup>ns</sup>
F (Ponta)	0,53 <sup>ns</sup>	0,09 <sup>ns</sup>	3,39 <sup>ns</sup>
b (Ponta)	0,2457 <sup>ns</sup>	-0,0459 <sup>ns</sup>	0,1653 <sup>ns</sup>
F (4 vizinhos)	0,01 <sup>ns</sup>	0,13 <sup>ns</sup>	4,64*
b (4 vizinhos)	-0,0589 <sup>ns</sup>	0,0963 <sup>ns</sup>	0,3476 <sup>ns</sup>

<sup>ns</sup> Não- significativo; \* Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; \*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

nos métodos de Papadakis e Médias Móveis 1 não chegaram a 1%, nos dois cortes estudados. As covariáveis apresentaram efeito significativo, apenas pelo método Médias Móveis 1 e Médias Móveis 2, no 1º corte.

A reunião de covariáveis no mesmo modelo, possivelmente sofre possíveis efeitos de colinearidade, de forma que os efeitos competicionais das mesmas podem ficar mascarados. Desse modo, o efeito de uma covariável ficaria eliminado pela outra que lhe é correlacionada e vice-versa. É importante ressaltar que parcelas constituídas por cinco linhas também podem estar amenizando uma possível competição prejudicial entre vizinhos, uma vez que as três linhas centrais permanecem em autocompetição com o próprio genótipo.

As correlações de Spearman ( $r$ ) obtidas entre os ordenamentos da análise clássica e das análises com covariáveis no 1º e 3º cortes, estão apresentados respectivamente, nas Tabelas 4 e 5. Nos dois cortes as altas correlações indicaram que praticamente não houve alterações no ordenamento nas análises pelo método de Papadakis e Médias Móveis 1, com qualquer uma das covariáveis incluídas. No entanto, o método Médias Móveis 2 alterou completamente o ordenamento dos genótipos, principalmente no 3º corte. O conhecimento dos genótipos avaliados, pelos melhoristas do programa, sugere que os ordenamentos obtidos pelas outras metodologias foram mais coerentes. Assim, a adoção de uma metodologia de análise de vizinhança contestável, a fim de aumentar a precisão experimental, pode comprometer o sucesso da seleção dos genótipos nos programas de melhoramento.

**Tabela 4** - Ordenamento de vinte e dois genótipos de cana-de-açúcar avaliados no 1º corte, segundo os métodos de vizinhança de Papadakis, Médias Móveis 1 e Médias Móveis 2, com as covariáveis de competição “Lateral” (L), “ponta” (P) e “4 vizinhos” (4 V), e correlações de Spearman (r) entre o ordenamento da análise sem covariável e as análises de vizinhança.

Métodos de vizinhança	Papadakis			Médias Móveis 1			Médias Móveis 2			
	Sem covariável	L	P	4 V	L	P	4 V	L	P	4 V
<b>Ordenamento</b>	<b>Genótipos</b>									
1º	7	7	7	7	7	7	7	7	2	1
2º	2	2	2	2	2	2	2	13	4	12
3º	13	13	13	13	13	13	13	1	1	16
4º	1	1	1	1	1	1	1	2	12	13
5º	4	4	4	4	4	4	4	15	16	2
6º	12	12	12	12	12	12	12	5	22	4
7º	18	18	18	18	18	18	18	14	13	15
8º	5	5	5	5	5	16	5	12	7	22
9º	16	16	16	16	16	5	14	16	15	20
10º	14	14	14	14	14	14	16	4	5	5
11º	19	22	22	22	19	22	19	20	20	7
12º	22	19	19	19	22	19	22	22	19	14
13º	15	15	15	15	15	15	15	19	18	19
14º	21	21	21	21	21	21	21	21	21	21
15º	20	20	20	20	20	20	20	6	14	6
16º	9	9	9	9	9	9	9	18	9	11
17º	6	6	6	6	6	6	6	11	11	18
18º	11	11	11	11	11	11	11	9	6	17
19º	17	17	17	17	17	17	17	17	10	10
20º	10	10	10	10	10	10	10	10	17	9
21º	8	8	8	8	8	8	8	8	3	3
22º	3	3	3	3	3	3	3	3	8	8
r	-	0,98**	0,98**	0,98**	1,0	0,85**	0,99**	0,47**	0,49**	0,17

\*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t.

**Tabela 5** - Ordenamento de vinte e dois genótipos de cana-de-açúcar avaliados no 3º corte, segundo os métodos de vizinhança de Papadakis, Médias Móveis 1 e Médias Móveis 2, com as covariáveis de competição “Lateral” (L), “ponta” (P) e “4 vizinhos” (4 V), e correlações de Spearman (r) entre o ordenamento da análise sem covariável e as análises de vizinhança.

Métodos de vizinhança	Papadakis			Médias Móveis 1			Médias Móveis 2			
	Sem covariável	L	P	4 V	L	P	4 V	L	P	4 V
<b>Ordenamento</b>	<b>Genótipos</b>									
1º	22	22	22	22	22	22	22	13	4	1
2º	7	7	7	7	7	7	7	7	1	4
3º	4	4	4	4	13	4	4	1	2	13
4º	13	13	13	13	1	13	1	22	22	16
5º	1	1	2	1	4	1	13	4	13	2
6º	2	2	1	2	2	2	2	2	18	20
7º	21	21	21	21	21	21	21	21	5	15
8º	18	18	18	18	18	18	18	20	21	22
9º	5	5	5	5	5	5	5	5	20	21
10º	20	20	20	20	20	20	20	18	16	6
11º	17	17	17	17	17	17	17	15	19	5
12º	9	9	19	9	19	9	19	16	17	12
13º	19	19	9	19	9	19	9	6	9	18
14º	16	16	16	16	16	16	16	19	7	19
15º	12	12	12	12	12	12	12	17	12	7
16º	14	14	14	14	14	14	14	8	6	9
17º	15	15	6	6	15	15	15	9	15	17
18º	6	6	15	15	6	6	6	14	11	11
19º	11	11	8	11	8	11	11	12	14	14
20º	8	8	11	8	11	8	8	11	3	8
21º	10	10	10	10	10	10	10	10	8	10
22º	3	3	3	3	3	3	3	3	10	3
r	-	1,00	0,78**	0,90**	0,74**	1,00	0,72**	0,66**	0,00	0,08

\*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t.

#### 4 – CONCLUSÕES

- Em experimentos com parcelas de cinco linhas, os métodos de Papadakis e Médias Móveis 1 não alteraram a precisão experimental, bem como o ordenamento dos genótipos quando comparadas à análise sem covariáveis.
- O método Médias Móveis 2 reduziu significativamente a variância ambiental, mas provocou fortes alterações nas estimativas da variância genotípica, da herdabilidade e no ordenamento dos genótipos, podendo levar a conclusões equivocadas na seleção.
- A covariável “lateral”, por considerar um espaço maior de competição entre as linhas adjacentes das parcelas, possivelmente, foi a mais influente nos efeitos da competição, especialmente no 3º corte, mas o reflexo em parcelas de cinco linhas foi pequeno.



## 5 – REFERÊNCIAS

AMARO, R.; COBO, M.; QUIROZ, A. Comparacion de metodos de ajuste em el analisis espacial de experimento de campo. **Agronomia Tropical**, v. 47, n. 3, p. 359-374, 1997.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; LUCIO, A. D. Ajustes de quadrado médio do erro em ensaios de competição de cultivares de milho pelo método de Papadakis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 4, p. 467-473, 2003.

COSTA, J. R.; BUENO FILHO, J. S. S.; RAMALHO, M. A. P. Análise espacial e de vizinhança no melhoramento genético de plantas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, n. 11, p. 1073-1079, 2005.

DONALD, C. M. Competitions among crop and pasture plants. **Advances in Agronomy**, v. 5, p. 1-17, 1963.

HENDERSON, C. H. Best linear estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.

RESENDE, M. D. V. de **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. p. 1-101, (Documentos, 47).

SOUZA, E. A. de; GERALDI, I. O.; RAMALHO, M. A. P. Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 9, p. 1765-1771, 2000.

STORCK, L.; GARCIA, D. C.; LOPES, S. J.; ESTEFANEL, V. **Experimentação Vegetal**. Santa Maria: UFSM, 2000. 198p.

STORCK, L.; STECKLING, C.; ROVERSI, T.; LOPES, S. J. Utilização do método de Papadakis na melhoria da qualidade experimental de ensaios com soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 5, p. 581-587, 2008.

VIVALDI, L. J. Comparação entre métodos de análises espacial de experimentos de campo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 25, n. 1, p. 77-84, 1990.

# **ANEXOS**

**Tabela 1A** - Lista dos clones e padrões avaliados na rede de ensaios estaduais instalados no ano de 2002, em sete locais, pelo programa de melhoramento CANA – IAC, para a cultura da cana-de-açúcar.

<b>Genótipo</b>	<b>Categoria</b>	<b>Nº do genótipo</b>	<b>Nº de locais avaliados</b>
IACSP93-3046	Clone	1	7
IACSP93-3050	Clone	2	7
IACSP93-6035	Clone	3	7
IACSP94-2094	Clone	4	7
IACSP94-2101	Clone	5	7
IACSP94-4002	Clone	6	7
IACSP94-4004	Clone	7	7
IACSP94-5003	Clone	8	7
IACSP94-5041	Clone	9	7
IACSP94-5072	Clone	10	7
IACSP94-6010	Clone	11	7
IACSP94-6025	Clone	12	7
IACSP95-6087	Clone	13	7
IACSP95-6100	Clone	14	7
IACSP95-6114	Clone	15	7
RB72454	Cultivar padrão (fixo)	16	7
SP80-1816	Cultivar padrão (fixo)	17	7
IACSP87-3396	Cultivar padrão (fixo)	18	7
RB835486	Cultivar padrão (móvel)	19	2
SP80-3280	Cultivar padrão (móvel)	20	3
RB855113	Cultivar padrão (móvel)	21	3
RB855536	Cultivar padrão (móvel)	22	2
SP84-1431	Cultivar padrão (móvel)	23	1
SP81-3250	Cultivar padrão (móvel)	24	1
IACSP90-3128	Cultivar padrão (móvel)	25	1
IACSP94-6033	Cultivar padrão (móvel)	26	1

**Figura 1A** - Exemplo do croqui experimental da rede de ensaios estaduais instalados no ano de 2002, em sete locais, pelo programa de melhoramento CANA – IAC, para a cultura da cana-de-açúcar.

<b>PROGRAMA CANA IAC</b>	
Estadual 2002 - Ribeirão Preto	Us. São Martinho - Município: Pradópolis
Talhão/Fazenda: 1/Centenário Data da instalação: 20/03/02 Data de último corte: 03/05/05 Época: 2	Altitude(m): Solo: LVdf Ambiente: C1 Data de avaliação: / /

<b>B3</b>	60	59	58	57	56
	IACSP93-6035	IACSP94-6010	IACSP93-3050	IACSP94-2094	SP80-1816
	51	52	53	54	55
	IACSP94-4004	IACSP95-6087	IACSP93-3046	IAC87-3396	IACSP94-4002
	50	49	48	47	46
IACSP94-6025	IACSP94-5072	RB835486	IACSP94-5003	IACSP94-5041	
41	42	43	44	45	
SP80-3280	IACSP95-6114	IACSP94-2101	RB72454	IACSP95-6100	
<b>B2</b>	40	39	38	37	36
	IACSP93-3046	SP80-3280	IACSP94-6025	IACSP94-2101	IACSP93-6035
	31	32	33	34	35
	IACSP95-6087	IACSP94-4002	IAC87-3396	IACSP95-6114	IACSP94-4004
	30	29	28	27	26
	RB72454	IACSP94-5041	IACSP95-6100	SP80-1816	IACSP94-5072
21	22	23	24	25	
IACSP93-3050	IACSP94-6010	RB835486	IACSP94-2094	IACSP94-5003	
<b>B1</b>	20	19	18	17	16
	IACSP94-2094	IACSP94-6010	IACSP95-6100	IACSP94-4004	IACSP94-5003
	11	12	13	14	15
	IACSP94-2101	IACSP93-3050	IACSP94-5072	IACSP93-6035	IAC87-3396
	10	9	8	7	6
SP80-3280	IACSP94-5041	IACSP94-6025	RB835486	IACSP95-6087	
1	2	3	4	5	
IACSP94-4002	SP80-1816	IACSP95-6114	IACSP93-3046	RB72454	

TRATAMENTOS (CLONES)			
1-IACSP93-3046	6-IACSP94-4002	11-IACSP94-6010	16-RB72454
2-IACSP93-3050	7-IACSP94-4004	12-IACSP94-6025	17-SP80-1816
3-IACSP93-6035	8-IACSP94-5003	13-IACSP95-6087	18-IAC87-3396
4-IACSP94-2094	9-IACSP94-5041	14-IACSP95-6100	19-RB835486
5-IACSP94-2101	10-IACSP94-5072	15-IACSP95-6114	20-SP80-3280

**Tabela 2A** – Regiões, municípios, tipo de solo e ambiente de produção da rede de ensaios estaduais instalados no ano de 2002, pelo programa de melhoramento CANA – IAC, para a cultura da cana-de-açúcar.

<b>Regiões<sup>1</sup></b>	<b>Município</b>	<b>Solo</b>	<b>Ambiente de Produção<sup>2</sup></b>
Pindorama - 5	Catanduva-SP	PVAa2	E1
Piracicaba - 1	Cosmópolis-SP	PVAd	C1
Ribeirão Preto - 2	Sales Oliveira-SP	LVdf	B2
Jaú - 3	Motuca-SP	LVAa	E1
Ribeirão Preto - 2	Pradópolis-SP	LVdf	C2
Ribeirão Preto - 2	Delta-MG	LVnf	E2
Goianésia - 8	Goianésia-GO	LVAm	D2

<sup>1</sup> Regiões de seleção do Programa Cana IAC; <sup>2</sup> Critérios adotados pelo Programa Cana IAC na definição dos ambientes de produção da cana-de-açúcar – Boletim Técnico IAC 197 (LANDELL et al. 2005).

# Livros Grátis

( <http://www.livrosgratis.com.br> )

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)  
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)  
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)  
[Baixar livros de Matemática](#)  
[Baixar livros de Medicina](#)  
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)  
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)  
[Baixar livros de Meteorologia](#)  
[Baixar Monografias e TCC](#)  
[Baixar livros Multidisciplinar](#)  
[Baixar livros de Música](#)  
[Baixar livros de Psicologia](#)  
[Baixar livros de Química](#)  
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)  
[Baixar livros de Serviço Social](#)  
[Baixar livros de Sociologia](#)  
[Baixar livros de Teologia](#)  
[Baixar livros de Trabalho](#)  
[Baixar livros de Turismo](#)