



## Ex. 13 - Grupo de Experimentos

**Exercício.** Planeje um experimento na sua área de atuação, em qualquer delineamento experimental, para ser instalado em diferentes situações (locais ou épocas) com o objetivo de fazer a análise conjunta desses experimentos. Justifique suas decisões para o grupo de experimentos.

### EXERCÍCIO

- **Áreas de atuação:**

1. *Genética Quantitativa;*
2. *Melhoramento de Plantas;*
3. *Hortaliças;*

- **Título do experimento:**

- **Desempenho produtivo de genótipos quem compõem o banco de germoplasma do Laboratório de Melhoramento de Hortaliças sob condições de estresse térmico no final de ciclo.**

- **Hipóteses testadas:**

- Primeira hipótese (Testada individualmente dentro de cada época de cultivo):
  - H0: Os acessos/genótipos não se diferem quanto às características vegetativas e produtivas analisadas;
  - Ha: Os acessos/genótipos se diferem quanto às características vegetativas e produtivas analisadas;
- Segunda hipótese (Testada a partir da análise conjunta):
  - H0: A época de plantio não interfere nas características vegetativas e produtivas analisadas;
  - Ha: A época de plantio interfere nas características vegetativas e produtivas analisadas;

- **Objetivos:**

- Levantar características vegetativas e produtivas do painel de *Solanum tuberosum* pertencente ao Laboratório de Melhoramento de Hortaliças sob condições de ciclo sob condições amenas e quando submetidas à estresse durante o final do ciclo. Ainda, por meio do uso de ferramentas de associação genômica, identificar possíveis genótipos que conferem resistência ao estresse térmico.

- **Fatores e níveis:**

- Acessos de batata;
- Níveis do tratamento: 427 acessos;

- **Variável resposta:**

- Variáveis vegetativas:
  - Porte da planta (Prostrado á Ereto);
  - Ciclo da planta (Precoce á Tardia);
  - Índice vegetativo (NDVI);
  - Sanidade;
- Variáveis produtivas:
  - Número total de tubérculos produzidos;
  - Número de tubérculos produzidos em classe de tamanho comercial;
  - Peso total de tubérculos produzidos;
  - Peso de tubérculos produzidos em classe de tamanho comercial;
  - Formato de tubérculo;
  - Profundidade de olhos;
  - Sólidos totais;
  - Qualidade de fritura;

- **Design Experimental:**

- o Delineamento Experimental: **Partially Replicated**;
- o Número de repetições:

Nº de repetições	Total de genótipos
1	121
2	88
3	213
7	2
10	3



Os delineamentos **partially replicated** ou simplesmente p-rep são comparados aos delineamentos aumentados, nos quais não são todos os tratamentos que são replicados. São escolhidos tratamentos padrão ou com viabilidade de ser replicado para preencher a matriz final do experimento e permitir estimar os efeitos ambientais, conforme tratado por [Federer et al. \(1975\)](#) e [Williams \(2022\)](#).

- o Critério para definição do número de repetições: Disponibilidade total de batata semente;

```
## Libraries
library(DiGger)
library(R.oo)
library(R.methodsS3)

## -----
## SORTEIO DO DELINEAMENTO
## -----
# Cria um data frame com tamanho do nº de genótipos que iremos sortear
prepDesign <- data.frame(1:427)

# Chama a função de sorteio do delineamento
prepDesign <- prDiGger(numberOfTreatments=427,
                      rowsInDesign=28,
                      columnsInDesign=35,
                      treatRepPerRep=rep(c(1,2,3,7,10),c(121,88,213,2,3)),
                      treatGroup=rep(c(1,2),c(422,5)),
                      blockSequence=list(c(14,35),c(7,7),c(7,1)),
                      rngSeeds = c(1928, 7568),
                      runSearch=T)

# Salva o delineamento sorteado
prepDesign <- getDesign(prepDesign)

# Extrai em formato .csv a matriz do croqui gerada
write.csv(prepDesign, file="matrix.csv")

## -----
## TRATAMENTO DE DADOS
## -----
# Lê os arquivos Excel
dbGeneral <- read_excel("IDs.xlsx") # Arquivo com os identificadores dos genótipos e id relat
mx <- read_excel("matrix.csv", col_names = F) # Arquivo com a matriz sorteada

# Renomeia as colunas da matriz para números sequenciais
colnames(mx) <- 1:ncol(mx)

# Transforma a matriz do formato largo para longo, especificando manualmente as colunas de valor e o
longMx <- mx %>%
  mutate(Linha = row_number()) %>% #Cria uma coluna chamada "linha" com valores advindos da "row_num
  pivot_longer(cols = -Linha, #Colunas passam para linhas e o seu número é armazenado em uma no
               names_to = "Coluna",
               values_to = "diggerID")

# Realizar o join para substituir os valores de diggerID para o ID do painel
newMx <- longMx %>%
```

```

left_join(dbGeneral, by = "diggerID") %>%
  select(-diggerID) %>%
  rename(Value = `idAcesso`)

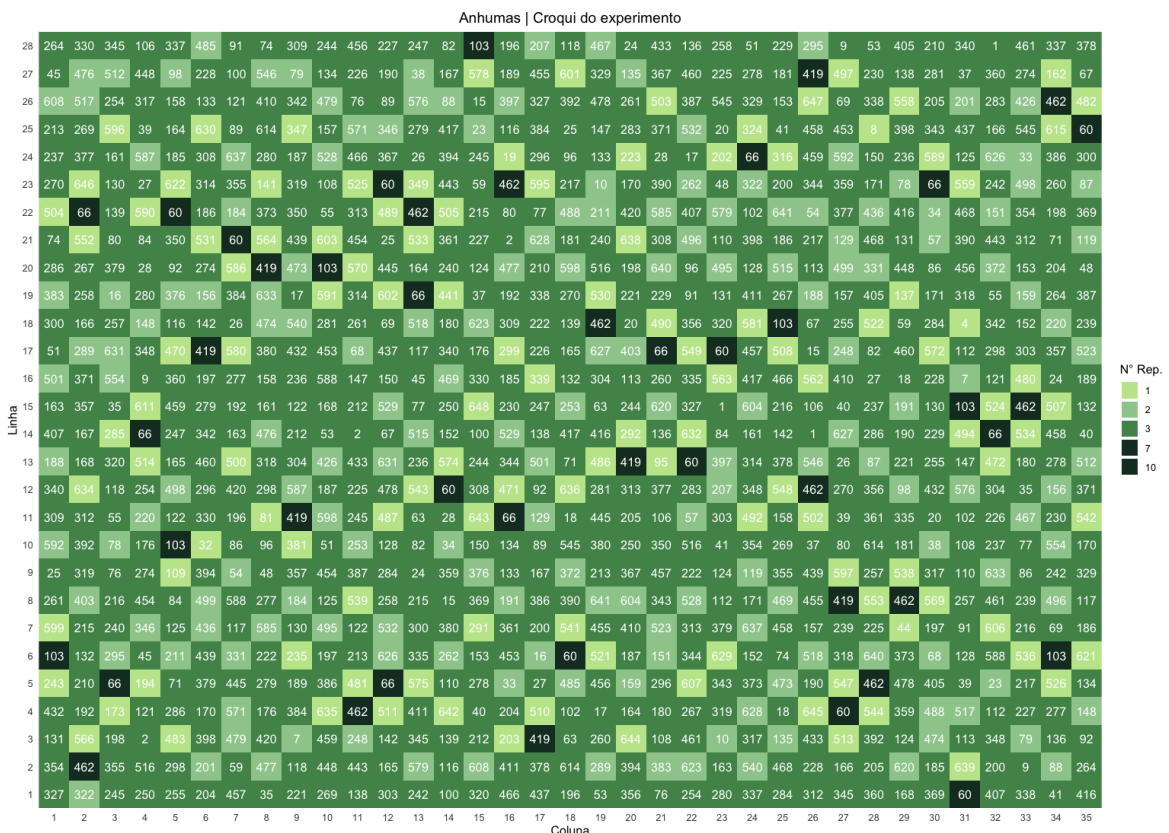
# Coloca os numeros da coluna como um valor inteiro, pois o R considera eles como um char
newMx <- newMx %>% mutate(Coluna = as.integer(Coluna))

# Renomeia a coluna Value -> idAcesso
newMx <- newMx %>% rename("idAcesso" = "Value")

## -----
## CROQUI DO EXPERIMENTO
## -----
# Cria uma variável para armazenar cores de acordo com o número de repetições
corRep <- c("1" = "#C2E699", "2" = "#78C679", "3" = "#519259", "7" = "#18392B", "10" = "#18392B")

# Plota a matriz com as cores baseadas no n° de repetições
ggplot(newMx, aes(x = Coluna, y = Linha, fill = factor(nRep), label = idAcesso)) +
  geom_tile(lwd = 1, width = 1, height = 1) +
  geom_text(color = "white") +
  scale_fill_manual(values = corRep) +
  scale_x_continuous(breaks = unique(newMx$Coluna), labels = unique(newMx$Coluna), expand = c(0, 0))
  scale_y_continuous(breaks = unique(newMx$Linha), labels = unique(newMx$Linha), expand = c(0, 0)) +
  labs(title = "Anhumas | Croqui do experimento",
       x = "Coluna",
       y = "Linha",
       fill = "N° Rep.") +
  theme_minimal() +
  theme(panel.grid = element_blank(), plot.title = element_text(hjust = 0.5))

```



A coloração das parcelas segue a escala de cor para o número de repetições que o genótipo possui. O número dentro da parcela representa o identificador numérico do genótipo.

## CONCLUSÕES

- O uso da técnica de grupo de experimentos terá como principal motivo fazer um contraste para os diversos parâmetros vegetativos e produtivos analisados sob diferentes condições de cultivo e resultará em uma variedade de informações que permitirão analisar o banco de germoplasma de batata do Laboratório de Melhoramento de Hortaliças da Esalq-USP.
- Efeitos diretos do experimento:
  - As informações poderão servir como critério de seleção e filtragem dos materiais que permanecem no programa de melhoramento.
  - A identificação de genótipos com tolerância ao estresse servirá como prerrogativa para a escolha de parentais utilizados para o projeto de “**diploidização**” de batatas por meio de cruzamentos com um material indutor (PL-04). Dessa forma, com materiais tolerantes diploides, será mais fácil a transferência dessa característica perante cruzamentos com outros genótipos “diploidizados”.
  - A obtenção de materiais com tolerância ao calor e a análise da estabilidade dessa característica em experimentos futuros que avaliem a interação genótipo x ambiente, servirá para indicar materiais com potencial de cultivo em condições de maior temperatura e/ou para o uso na safra de verão da batata.
  - Com o uso de técnicas de bioinformática, as informações fenotípicas coletadas, associados a informações genotípicas permitem a obtenção de uma **core collection**. Essa coleção permitirá reduzir o número de genótipos em experimentos futuros diante da sua capacidade de indentificar um número reduzido de indivíduos com capacidade de representar a diversidade genotípica e fenotípica do painel.
  - Com os resultados de tolerância ao estresse em função do diferencial produtivo entre ambas as épocas de plantio, é possível estimar possíveis genes que estejam associados (GWAS) à capacidade do genótipo em manter o potencial produtivo sob condições de alta temperatura.