



PGM522 – ANÁLISE DE EXPERIMENTOS EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS

Ricardo Antonio Ruiz Cardozo

4ª LISTA DE EXERCÍCIOS

Esperança de quadrados médios e estimação de componentes da variância

1. Os dados que se seguem referem-se à altura de plantas de milho (em metros) obtidos da avaliação de 14 famílias de meios-irmãos. O experimento foi em blocos casualizados com seis repetições.

Progênie	B1	B2	B3	B4	B5	B6
1	1,3	1,5	1,55	1,7	1,4	1,35
2	1,3	1,3	1,3	1,5	1,4	1,2
3	1,8	1,75	2	1,6	1,5	1,55
4	1,4	1,5	1,75	1,6	1,55	1,85
5	1,2	1,2	1,25	1,45	1,6	1,25
6	1,55	1,5	1,65	1,55	1,7	1,6
7	1,3	1,15	1,3	1,6	1,6	1,6
8	1,7	1,3	1,8	1,6	1,7	1,3
9	2,1	2,1	2,1	1,85	1,7	1,9
10	1,55	1,55	1,3	1,6	1,4	1,5
11	1,75	1,55	1,65	1,7	1,5	1,65
12	1,35	1,6	1,25	1,4	1,45	1,65
13	1,85	1,95	1,95	1,6	1,5	1,75
14	1,6	1,4	1,7	1,5	1,3	1,75

a) Estabelecer adequadamente o modelo estatístico e detalhe os termos e pressuposições. Assuma um modelo aleatório.

$$Y_{ij} = \mu + f_i + b_j + \varepsilon_{ij}$$

Y_{ij} : Altura da planta de milho que recebeu a família i na repetição j ($i = 1, 2, 3, 4, \dots, 14$; $j = 1, 2, \dots, 6$)

μ : Constante associada a todas as observações – Efeito fixo;

f_i : efeito da família i , sendo $f_i \sim N(0, \sigma_f^2)$ – Efeito aleatório;

b_j : efeito do bloco j , sendo $b_j \sim N(0, \sigma_b^2)$ – Efeito aleatório;

e_{ij} : efeito do erro experimental associado à parcela ij , sendo $e_{ij} \sim N(0, \sigma_e^2)$ – Efeito aleatório;

- b) Obtenha as esperanças de quadrados médios pelo método de Hicks.

$$Y_{ij} = \mu + f_i + b_j + e$$

Efeito	I (i)	J (j)	E(QM)
f_i	1	J	$\sigma_e^2 + J\sigma_f^2$
b_j	I	1	$\sigma_e^2 + I\sigma_b^2$
$e_{(ij)}$	1	1	σ_e^2

- c) Apresente as hipóteses nula e alternativa acerca dos efeitos de interesse. Proceda à análise de variância e os testes F a 5% de probabilidade e interprete.

H0: Não existe variância genética entre a altura das plantas das famílias de meios-irmãos

$$H_0: \sigma_f^2 = 0$$

H1: Existe variância genética entre a altura das plantas das famílias de meios-irmãos

$$H_0: \sigma_f^2 \neq 0$$

H0: Não existe diferenças na variância dos blocos

$$H_0: \sigma_b^2 = 0$$

H1: Existe diferença na variância dos blocos

$$H_0: \sigma_b^2 \neq 0$$

Tabela 1. Tabela de análise de variância (ANAVA) da altura das plantas de milho obtida da avaliação de 14 famílias de meios-irmãos.

	GL	SQ	QM	F value	p-value(>F)
Bloco	5	0,08679	0,017357	0,6760	0,6432
Linhagem	13	2,28952	0,176117	6,8588	4,342e ^{-08***}
Residuals	65	1,66905	0,025678		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Rejeita-se a hipótese nula onde a variância da altura das plantas de milho provenientes de 14 famílias de meios-irmãos é igual a zero ao um nível de significância de 5%, portanto, existe variância genética entre a altura das plantas das famílias de meios-irmãos.

d) Obtenha os estimadores e, em seguida, estime todos os componentes da variância do modelo.

E(QM)	QM	Estimadores
$\sigma_\varepsilon^2 + J\sigma_f^2$	QMP	$\sigma_\varepsilon^2 + J\sigma_f^2 = QMP \rightarrow \sigma_f^2 = \frac{QMP - QME}{J}$
$\sigma_\varepsilon^2 + I\sigma_b^2$	QMB	$\sigma_\varepsilon^2 + I\sigma_b^2 = QMB \rightarrow \sigma_b^2 = \frac{QMB - QME}{I}$
σ_ε^2	QME	$\sigma_\varepsilon^2 = QME$

$$\sigma_\varepsilon^2 = QME = 0.02567766$$

$$\sigma_f^2 = \frac{QMP - \sigma_\varepsilon^2}{J} = \frac{0.1761172 - 0.02567766}{6} = 0.02507326$$

$$\sigma_b^2 = \frac{QMB - \sigma_\varepsilon^2}{I} = \frac{0.1761172 - 0.02567766}{14} = -0.0005943223$$

e) Obtenha os limites de confiança da variância associada ao efeito de progênies a 95% de probabilidade baseados nas distribuições t-Student e qui-quadrado. Interprete.

- Determinação graus de liberdade Satterthwaite:

$$v_f = \frac{(QMP - QME)^2}{\frac{QMP^2}{GLF} + \frac{QME^2}{GLE}} = 9.445422$$

- Intervalo de Confiança da variância distribuição qui-Quadrado:

Qui-Quadrado primeiro valor= 2.940892
 Qui-Quadrado segundo valor= 19.67642

$$IC[\sigma_f^2, (1 - \alpha)] = \left(\frac{\nu_f * \sigma_f^2}{\chi^2_{(\nu_f, \frac{\alpha}{2})}}; \frac{\nu_f * \sigma_f^2}{\chi^2_{(\nu_f, 1 - \frac{\alpha}{2})}} \right) = (0.01203611; 0.08052915)$$

- Intervalo de Confiança da variância distribuição t-Student:

$$\sigma^2(\sigma_f^2) = \frac{2}{r^2} \left(\frac{QMP^2}{(t-1)+2}; \frac{QME^2}{t(r-1)+2} \right) = 0.0001153875$$

$$\sigma^2(\sigma_f^2) = \frac{2}{r^2} \left(\frac{QMP^2}{(t-1)+2}; \frac{QME^2}{t(r-1)+2} \right) = 0.0001153875$$

$$IC[\sigma_f^2, (1 - \alpha)] = \sigma_f^2 \pm t_{(\nu_f, \frac{\alpha}{2})} \sqrt{\sigma^2(\sigma_f^2)} = (0.0009470476; 0.04919947)$$

Pode-se interpretar que para a 95% de confiança, o parâmetro da variância está entre os limites estabelecidos de acordo com a distribuição de qui-quadrado e t-Student, pois a variância da altura das plantas foi de 0.0251 aproximadamente. Mas se o número de ν for inferior a 30 o teste de t-Student, não é um teste recomendável, pois o intervalo poderia considerar o zero (0) e se está incluso no intervalo, o valor do parâmetro é igual a 0.

f) Estime a herdabilidade para seleção na média de progênie usando o estimador padrão e, logo após, calcule os limites de confiança a 95% a partir da expressão proposta por Knapp et al (1985) apresentada a seguir. Interprete o resultado.

$$IC[h^2, (1 - \alpha)] = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{QMP}{QME} \right) F_{\left(1 - \frac{\alpha}{2}; GLE; GLP\right)} \right]^{-1}; 1 - \left[\left(\frac{QMP}{QME} \right) F_{\left(\frac{\alpha}{2}; GLE; GLP\right)} \right]^{-1} \right\}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_f^2}{\sigma_f^2 + \frac{QME}{6}} = 0.8542013$$

$$IC[h^2, (1 - \alpha)] = [0.6922733; 0.9462207]$$

A herdabilidade da altura das plantas de milho provenientes de 14 famílias se encontra entre 0.69 e 0.94 ao nível de significância do 95%, e em esse caso, a herdabilidade foi de 0.85 aproximadamente.

2. A partir dos enunciados a seguir e assumindo a natureza dos efeitos especificados, pede-se:

- Estabeleça o modelo estatístico e especifique a natureza dos efeitos dos fatores presentes (fixo ou aleatório).
- Apresente o esquema da análise de variância listando as fontes de variação, os graus de liberdade, os quadrados médios e as esperanças dos quadrados médios pelo método de Hicks.
- Apresente as hipóteses estatísticas de nulidade e alternativa e os estimadores adequados da estatística F inerentes a cada hipótese nula formulada.
- Apresente os estimadores dos componentes de variância.

2.1. Um melhorista planeja um experimento para avaliação de 100 híbridos de milho provenientes de um cruzamento fatorial entre 10 linhagens do grupo heterótico A com outras 10 linhagens do grupo heterótico B. O delineamento será o de blocos casualizados com três repetições. Assuma o efeito de híbridos aleatórios e linhagens aleatórios e de blocos fixos.

i.

$$Y_{ijk} = \mu + l_i + h_k + b_j + lh_{ik} + \varepsilon_{ijk}$$

Y_{ijk} : Efeito observado na parcela que recebeu do i-ésimo híbrido no j-ésimo bloco;

μ : média experimental;

l_i : Efeito aleatório do i-ésima linhagem do grupo A; $l_i \sim N(0, \sigma^2 l_i)$

h_k : Efeito aleatório do k-ésima linhagem do grupo B; $h_k \sim N(0, \sigma^2 h_k)$

lh_{ik} : Efeito aleatório da interação da i-ésima linhagem do grupo A com o k-ésima linhagem do grupo B; $lh_{ik} \sim N(0, \sigma^2 lh_{ik})$;

B_j : Efeito fixo do j-ésimo bloco

ε_{ijk} : Erro aleatório experimental associado ao Y_{ijk} ; $\varepsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma^2 \varepsilon_{ij})$

ii.

Efeito	GL	QM	I _a (i)	K _a (k)	R _f (k)	E(QM)
L_i	9	QML	1	J	R	$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{lh}^2 + JR\sigma_l^2$
H_k	9	QMH	I	1	R	$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{lh}^2 + IR\sigma_h^2$
$L \times H_{ij}$	81	QM _{LxH}	1	1	R	$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{lh}^2$
B_j	2	QMB	I	J	0	$\sigma_\varepsilon^2 + IJ\phi_b$
$e_{(ijk)}$	198	QME	1	1	1	σ_ε^2

TOTAL	299					
-------	-----	--	--	--	--	--

iii.

H0: Não existe variância genética entre as linhagens do grupo heterótico A

$$H_0: \sigma_l^2 = 0$$

$$Fc = \frac{QML}{QM_{l*h}}$$

H0: Não existe variância genética entre as linhagens do grupo heterótico B

$$H_0: \sigma_h^2 = 0$$

$$Fc = \frac{QMH}{QM_{l*h}}$$

H0: Não existe variância entre a interação das linhagens do grupo heterótico A e grupo heterótico B

$$H_0: \sigma_{lh}^2 = 0$$

$$Fc = \frac{QM_{l*h}}{QME}$$

H0: Não existe diferenças significativas entre blocos

$$H_0: b_1 = b_2 = b_3$$

$$Fc = \frac{QMB}{QME}$$

iv.

E(QM)	QM	Estimadores
$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{lh}^2 + JR\sigma_l^2$	QML	$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{lh}^2 + JR\sigma_l^2 = QML \rightarrow \sigma_l^2 = \frac{QML - R\sigma_{li}^2 - \sigma_\varepsilon^2}{JR}$
$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{lh}^2 + IR\sigma_h^2$	QMH	$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{lh}^2 + IR\sigma_h^2 = QMH \rightarrow \sigma_h^2 = \frac{QMH - R\sigma_{lh}^2 - \sigma_\varepsilon^2}{IR}$
$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{lh}^2$	QMLxi	$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{lh}^2 = QM_{l*h} \rightarrow \sigma_{li}^2 = \frac{QM_{l*h} - \sigma_\varepsilon^2}{R}$
$\sigma_\varepsilon^2 + IJ\phi_b$	QMB	$\sigma_\varepsilon^2 + IJ\phi_b = QMB \rightarrow \phi_b = \frac{QMB - \sigma_\varepsilon^2}{IJ}$
σ_ε^2	QME	$\sigma_\varepsilon^2 = QME$

Estimadores
$\sigma_{\varepsilon}^2 + R\sigma_{lh}^2 + JR\sigma_l^2 = QML \rightarrow \sigma_l^2 = \frac{QML - QM_{lxh}}{JR}$
$\sigma_{\varepsilon}^2 + R\sigma_{lh}^2 + IR\sigma_h^2 = QMH \rightarrow \sigma_h^2 = \frac{QMH - QM_{lxh}}{IR}$
$\sigma_{\varepsilon}^2 + R\sigma_{lh}^2 = QM_{lxi} \rightarrow \sigma_{li}^2 = \frac{QM_{lxh} - QME}{R}$
$\sigma_{\varepsilon}^2 + IJ\phi_b = QMB \rightarrow \phi_b = \frac{QMB - QME}{IJ}$
$\sigma_{\varepsilon}^2 = QME$

2.2. Um melhorista realizou um cruzamento biparental em feijoeiro obtendo a geração F1. A partir da autofecundação da F1 obteve-se 64 plantas F2 que deram origem a 64 progênies F2:3. A partir de cada progênie F2:3 foram tomadas aleatoriamente duas plantas, gerando 128 progênies F3:4. O processo foi repetido de modo a obter 256 progênies F4:5. Esta condução da população segregante constitui-se no método genealógico (Figura 1). As 256 progênies F4:5 foram avaliadas quanto produção de grãos em experimento conduzido no DBC com três repetições. Assuma progênies aleatórias e blocos fixos.

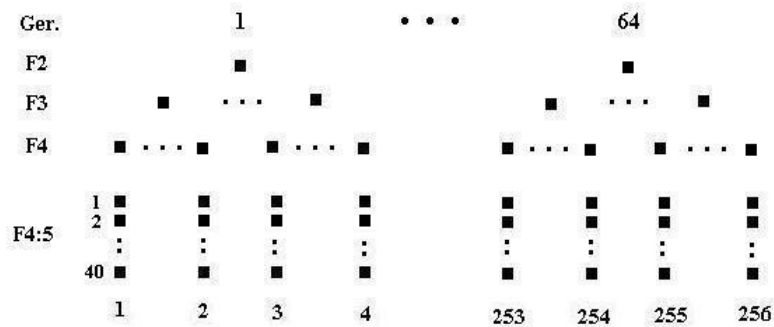


FIGURA 1 - Esquema de condução pelo método genealógico.

i. A única geração com repetição foi a F4:5 onde foram avaliadas a produção de grãos em DBC com três repetições as outras gerações só foram utilizadas para fazer o método de condução de população segregante (Genealógico). Precisa de repetições para determinar o erro experimental.

$$Y_{ij} = \mu + p_i + b_j + \varepsilon_{ij}$$

Y_{ij} : Efeito observado na parcela que recebeu a i-ésima progênie no j-ésima bloco;
 μ : média experimental;

P_i : Efeito aleatório da i -ésima progênie; $P_i \sim N(0, \sigma^2 P_i)$

B_j : Efeito fixo do j -ésimo bloco;

E_{ij} : Erro aleatório experimental associado ao Y_{ij} ; $E_{ij} \sim N(0, \sigma^2 E_{ij})$

ii.

E(QM)	GL	QM	I _a (i)	J _a (j)	E(QM)
L_i	255	QMP	1	J	$\sigma_\varepsilon^2 + J\sigma_l^2$
B_j	2	QMB	I	0	$\sigma_\varepsilon^2 + I\phi_b$
$e_{(ij)}$	510	QME	1	1	σ_ε^2
TOTAL	767				

iii.

H0: Não existe variância genética entre as progênies

$$H_0: \sigma_l^2 = 0$$

$$F_c = \frac{QMP}{QME}$$

H0: Não existe diferenças significativas entre blocos

$$H_0: b_1 = b_2 = b_3$$

$$F_c = \frac{QMB}{QME}$$

iv.

E(QM)	QM	Estimadores
$\sigma_\varepsilon^2 + J\sigma_l^2$	QMP	$\sigma_\varepsilon^2 + J\sigma_l^2 = QMP \rightarrow \sigma_l^2 = \frac{QMP - \sigma_\varepsilon^2}{J}$
$\sigma_\varepsilon^2 + I\phi_b$	QMB	$\sigma_\varepsilon^2 + I\phi_b = QMB \rightarrow \phi_b = \frac{QMB - \sigma_\varepsilon^2}{I}$
σ_ε^2	QME	$\sigma_\varepsilon^2 = QME$

Estimadores
$\sigma_\varepsilon^2 + J\sigma_l^2 = QMP \rightarrow \sigma_l^2 = \frac{QMP - QME}{J}$

$\sigma_{\varepsilon}^2 + I\phi_b = QMB \rightarrow \phi_b = \frac{QMB - QME}{I}$
$\sigma_{\varepsilon}^2 = QME$

2.3. Para a caracterização citogenética de uma dada espécie foram coletados 160 acessos, sendo 60 acessos da 1ª procedência, 70 da 2ª e 30 da 3ª procedência. De cada acesso foram coletadas quatro folhas. A partir de lâminas confeccionadas em laboratórios com cada folha coletada de cada acesso serão realizados estudos citogenéticos para avaliar a variabilidade entre e dentro de procedências. Assuma os efeitos de procedência e acessos aleatórios.

i.

$$Y_{ij} = \mu + p_i + a_{j(i)} + \varepsilon_{ij}$$

Y_{ij} : Efeito observado do j-ésimo acesso dentro da i-ésima procedência;

μ : média experimental;

P_i : Efeito aleatório da i-ésima procedência; $P_i \sim N(0, \sigma^2 P_i)$;

$A_{j(i)}$: Efeito aleatório do j-ésimo acesso dentro da i-ésima procedência; $A_{j(i)} \sim N(0, \sigma^2 A_{j(i)})$;

E_{ij} : Erro aleatório experimental associado ao Y_{ij} ; $E_{ij} \sim N(0, \sigma^2 E_{ij})$

ii.

E(QM)	QM	Estimadores	I _a (i)	J _a (j)	E(QM)
P_i	2	QMP	1	J	$\sigma_{\varepsilon}^2 + \sigma_a^2 + J\sigma_p^2$
$A_{j(i)}$	157	QMA	1	1	$\sigma_{\varepsilon}^2 + \sigma_a^2$
$e_{(ij)}$	480	QME	1	1	σ_{ε}^2
TOTAL	639				

iii.

H0: Não existe variância entre as procedências

$$H_0: \sigma_p^2 = 0$$

$$F_c = \frac{QMP}{QMA}$$

H0: Não existe variância entre os acessos

$$H_0: \sigma_l^2 = 0$$

$$Fc = \frac{QMA}{QME}$$

iv.

E(QM)	QM	Estimadores
$\sigma_\varepsilon^2 + \sigma_a^2 + J\sigma_p^2$	QML	$\sigma_\varepsilon^2 + \sigma_a^2 + J\sigma_p^2 = QMP \rightarrow \sigma_l^2 = \frac{QMP - \sigma_a^2 - \sigma_\varepsilon^2}{J}$
$\sigma_\varepsilon^2 + \sigma_a^2$	QMA	$\sigma_\varepsilon^2 + \sigma_a^2 = QMA \rightarrow \sigma_a^2 = QMA - \sigma_\varepsilon^2$
σ_ε^2	QME	$\sigma_\varepsilon^2 = QME$

Estimadores
$\sigma_\varepsilon^2 + J\sigma_l^2 = QML \rightarrow \sigma_l^2 = \frac{QML - QMA}{J}$
$\sigma_\varepsilon^2 + \sigma_a^2 = QMA \rightarrow \sigma_a^2 = QMA - QME$
$\sigma_\varepsilon^2 = QME$

2.4. Um melhorista planeja avaliar a reação de resistência de 30 linhagens de trigo a 10 isolados de brusone. O delineamento será o de blocos casualizados com três repetições. Assuma o efeito de linhagens e isolados aleatórios e de blocos fixos.

$$i. Y_{ijk} = \mu + l_i + i_j + b_k + li_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

ii.

Efeito	GL	QM	I _a (i)	J _a (j)	R _f (k)	E(QM)
L _i	29	QML	1	J	R	$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{li}^2 + JR\sigma_l^2$
I _j	9	QMI	I	1	R	$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{li}^2 + IR\sigma_i^2$
LxI _{ij}	261	QM _{LxH}	1	1	R	$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{li}^2$
B _k	2	QMB	I	J	0	$\sigma_\varepsilon^2 + IJ\phi_b$
e _(ijk)	598	QME	1	1	1	σ_ε^2
TOTAL	899					

iii.

H0: Não existe variância genética entre as linhagens

$$H_0: \sigma_l^2 = 0$$

$$Fc = \frac{QML}{QM_{L*I}}$$

H0: Não existe variância genética entre os isolados

$$H_0: \sigma_i^2 = 0$$

$$Fc = \frac{QMI}{QM_{L*I}}$$

H0: Não existe variância entre a interação das linhagens e os isolados

$$H_0: \sigma_{lh}^2 = 0$$

$$Fc = \frac{QM_{L*I}}{QME}$$

H0: Não existe diferenças significativas entre blocos

$$H_0: b_1 = b_2 = b_3$$

$$Fc = \frac{QMB}{QME}$$

iv.

E(QM)	QM	Estimadores
$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{li}^2 + JR\sigma_l^2$	QML	$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{li}^2 + JR\sigma_l^2 = QML \rightarrow \sigma_l^2 = \frac{QML - R\sigma_{li}^2 - \sigma_\varepsilon^2}{JR}$
$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{li}^2 + IR\sigma_i^2$	QMI	$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{li}^2 + IR\sigma_i^2 = QMI \rightarrow \sigma_i^2 = \frac{QMI - R\sigma_{li}^2 - \sigma_\varepsilon^2}{IR}$
$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{li}^2$	QMLxi	$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{li}^2 = QM_{lxi} \rightarrow \sigma_{li}^2 = \frac{QM_{lxi} - \sigma_\varepsilon^2}{R}$
$\sigma_\varepsilon^2 + IJ\phi_b$	QMB	$\sigma_\varepsilon^2 + IJ\phi_b = QMB \rightarrow \phi_b = \frac{QMB - \sigma_\varepsilon^2}{IJ}$
σ_ε^2	QME	$\sigma_\varepsilon^2 = QME$

Estimadores
$\sigma_\varepsilon^2 + R\sigma_{li}^2 + JR\sigma_l^2 = QML \rightarrow \sigma_l^2 = \frac{QML - QM_{lxi}}{JR}$

$\sigma_{\varepsilon}^2 + R\sigma_{li}^2 + IR\sigma_i^2 = QMI \rightarrow \sigma_i^2 = \frac{QMI - QM_{lxi}}{IR}$
$\sigma_{\varepsilon}^2 + R\sigma_{li}^2 = QM_{lxi} \rightarrow \sigma_{li}^2 = \frac{QM_{lxi} - QME}{R}$
$\sigma_{\varepsilon}^2 + IJ\phi_b = QMB \rightarrow \phi_b = \frac{QMB - QME}{IJ}$
$\sigma_{\varepsilon}^2 = QME$