|  |
| --- |
| **UNIVERSIDADE FEDERAL DE LAVRAS**  PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO  INSTITUTO DE CIÊNCIAS NATURAIS  DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA  PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E  MELHORAMENTO DE PLANTAS |



**PGM522 – ANÁLISE DE EXPERIMENTOS EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS**

# 7ª LISTA DE EXERCÍCIOS

## Delineamentos em Blocos Aumentados e P-rep

1. Suponha que um pesquisador deseja avaliar 100 progênies S1 de milho, mas não possui sementes suficientes para realizar experimentos com repetições. Para esta situação defina o delineamento experimental a ser utilizado com a respectiva justificativa e, em seguida, apresente o plano experimental e o croqui de campo, além da tabela da ANAVA com as fontes de variação e graus de liberdade.

Nas gerações iniciais de um programa de melhoramento é comum que os genotipos não possuam sementes suficientes para montar experimentos com repetição, nesse caso pode-se utilizar de delineamentos com testemunhas intercalares como é o caso do delineamento em Blocos Aumentados (DBA), desse modo utilizando apenas uma parcela por progênie e utilizando testemunhas ao longo do experimento com a finalidade de utilizar sua informação para calcular a variação experimental entre os blocos do DBA.

Será utilizado o Delineamento em Blocos Aumentados (DBA), com 10 blocos, contendo 10 progênies e 5 testemunhas em comum a todos os blocos.

**Tabela 1** – Plano do experimento para avaliação de 100 progênies S1 de milho no Delineamento em Blocos Aumentados de Federer com 10 repeticoes e 5 testemunhas.

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Bloco 1** | **Bloco 2** | **Bloco 3** | **Bloco 4** | **Bloco 5** | **Bloco 6** | **Bloco 7** | **Bloco 8** | **Bloco 9** | **Bloco 10** |
| **B** | 99 | 54 | 39 | **E** | 80 | **B** | 87 | 29 | **C** |
| 48 | **B** | 13 | 61 | **B** | **B** | 55 | **A** | 56 | 28 |
| 64 | 27 | 62 | D | 18 | 14 | 59 | 22 | 93 | 38 |
| **D** | 68 | 83 | 10 | **C** | 92 | 76 | 84 | 95 | **A** |
| 91 | **E** | 1 | **E** | 11 | **C** | 8 | **C** | 20 | **D** |
| 79 | 4 | **C** | 94 | 90 | 12 | 2 | 24 | 51 | 60 |
| 41 | 31 | 35 | 23 | **D** | 3 | 30 | **D** | **D** | 44 |
| **C** | 16 | **A** | 71 | 72 | 33 | 75 | 69 | **A** | 40 |
| **A** | **A** | **E** | 5 | 26 | 53 | 19 | 66 | **E** | **B** |
| **E** | 49 | 47 | 43 | **A** | **A** | **D** | **E** | 37 | 73 |
| 25 | **C** | **D** | **C** | 70 | 96 | **C** | 7 | **C** | 36 |
| 78 | **D** | **B** | 82 | 15 | **D** | 100 | 88 | **B** | 65 |
| 21 | 57 | 58 | 32 | 85 | 45 | **A** | 74 | 9 | 6 |
| 77 | 81 | 17 | **A** | 67 | 89 | **E** | 97 | 52 | **E** |
| 46 | 34 | 86 | B | 50 | **E** | 98 | **B** | 42 | 63 |

I II III IV V

Gráfico

Descripción generada automáticamente

VI VII VIII IX X

Gráfico

Descripción generada automáticamente

**Figura 1.** Croqui de campo do experimento em DBA da avaliação de 100 progênies S1 de milho com 5 testemunhas em 10 blocos.

**Tabela 2.** Tabela da análise de variância para a avaliação de 100 progênies S1 de milho em um Delineamento em Blocos Aumentados com 10 repetições e 5 testemunhas.

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **FV** | **GL** | **SQ** | **QM** |
| Tratamentos (Prog + Test) | 104 | SQT | QMT |
| Blocos | 9 | SQB | QMB |
| Resíduo | 36 | SQR | QMR |
| Total | 149 |  |  |

1. Um melhorista conduziu um experimento preliminar com 30 progênies de trigo. Ele queria comparar as progênies com três cultivares (T1, T2 e T3). Porém, ele só tinha semente suficiente para plantar uma única linha de 3 metros de cada progênie, então ele decidiu utilizar o delineamento de blocos aumentados. A produção de grãos (Kg/ha) se encontra na tabela abaixo.
   1. Proceda a análise de variância dos dados. Decomponha tratamentos ajustados em SQProgênies (Aj), SQ Testemunhas e SQ (Progênies vs Testemunhas). Discuta o resultado.

**Tabela 3.** Análise de variância obtida na avaliação da produção de grãos (Kg/ha) de 30 progênies de trigo no delineamento de blocos aumentados.

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **FV** | **GL** | **SQ** | **QM** | **F value** | **p-value(>F)** |
| Bloco | 5 | 15498754 | 3099751 | 34,0248 | 5,762e-06\*\*\* |
| Tratamientos Ajustados | 32 | 4095905 | 127997 | 1,4050 | 0,2930 |
| Progênies vs Testemunhas | 1 | 598003 | 598003 | 6,5641 | 0,02827\* |
| Progênies | 29 | 3477851 | 119926 | 1,3164 | 0,33521 |
| Testemunhas | 2 | 20051 | 10025 | 0,11 | 0,89686 |
| Residuals | 10 | 911027 | 91103 |  |  |

Não houve diferenças significativas entre os desempenhos das progênies e das testemunhas. Contudo, houve diferenças significativas no comportamento das progênies em comparação às testemunhas ao nível de 95% de confiança. Isso é esperado posto que ao comparar o comportamento aleatório das progênies vai ser diferente ao comportamento das testemunhas com maior proporção de homozigose

* 1. Como é obtido o erro experimental no delineamento de blocos aumentados? Justifique.

O erro experimental do delineamento de blocos aumentados é obtido a partir dos tratamentos comuns (Testemunhas), que obrigatoriamente devem se repetir ao longo dos blocos. Esse tipo de delineamento, é recomendado para fase inicial de programas de melhoramento, onde se tem um grande número de genótipos sob teste e material experimental (sementes, propágulos, ...) insuficiente para avaliar os genótipos com repetição.

* 1. Apresente os valores ordinários e ajustados das progênies e das cultivares testemunhas e plote em um gráfico.

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Bloco I** | | **Bloco II** | | **Bloco III** | |
| **T1** | 2972 | **T1** | 3122 | **T1** | 2260 |
| **14** | 2405 | **T2** | 3023 | **18** | 2603 |
| **26** | 2855 | **4** | 3018 | **27** | 2857 |
| **T2** | 2592 | **15** | 2477 | **T2** | 2918 |
| **17** | 2572 | **30** | 2955 | **25** | 2825 |
| **T3** | 2608 | **3** | 3055 | **28** | 1903 |
| **22** | 2705 | **T3** | 2477 | **5** | 2065 |
| **13** | 2391 | **24** | 2783 | **T3** | 3107 |
|  |  |  |  |  |  |
| **Bloco IV** | | **Bloco V** | | **Bloco VI** | |
| **T1** | 3348 | **T1** | 1315 | **T1** | 3538 |
| **9** | 2268 | **2** | 1055 | **29** | 2915 |
| **6** | 2148 | **21** | 1688 | **7** | 3265 |
| **T2** | 2940 | **T3** | 1625 | **T2** | 3483 |
| **T3** | 2850 | **T2** | 1398 | **1** | 3013 |
| **20** | 2670 | **10** | 1293 | **T3** | 3400 |
| **11** | 3380 | **8** | 1253 | **12** | 2385 |
| **23** | 2770 | **16** | 1495 | **19** | 3643 |

**Tabela 4.** Médias ajustadas e não ajustadas da produção de grãos (Kg/há) para 30 progênies de trigo, sendo testadas com 3 testemunhas.

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Tratamiento** | **Media Ordinaria** | **Media Ajustada** | |
| T1 | 2759,17 | | 2759,17 |
| T2 | 2725,67 | | 2725,67 |
| T3 | 2677,83 | | 2677,83 |
| 1 | 3013 | | 2260,222 |
| 2 | 1055 | | 2329,889 |
| 3 | 3055 | | 2901,889 |
| 4 | 3018 | | 2864,889 |
| 5 | 2065 | | 2024,222 |
| 6 | 2148 | | 1822,889 |
| 7 | 3265 | | 2512,222 |
| 8 | 1253 | | 2527,889 |
| 9 | 2268 | | 1942,889 |
| 10 | 1293 | | 2567,889 |
| 11 | 3380 | | 3054,889 |
| 12 | 2385 | | 1632,222 |
| 13 | 2391 | | 2387,889 |
| 14 | 2405 | | 2401,889 |
| 15 | 2477 | | 2323,889 |
| 16 | 1495 | | 2769,889 |
| 17 | 2572 | | 2568,889 |
| 18 | 2603 | | 2562,222 |
| 19 | 3643 | | 2890,222 |
| 20 | 2670 | | 2344,889 |
| 21 | 1688 | | 2962,889 |
| 22 | 2705 | | 2701,889 |
| 23 | 2770 | | 2444,889 |
| 24 | 2783 | | 2629,889 |
| 25 | 2825 | | 2784,222 |
| 26 | 2855 | | 2851,889 |
| 27 | 2857 | | 2816,222 |
| 28 | 1903 | | 1862,222 |
| 29 | 2915 | | 2162,222 |
| 30 | 2955 | | 2801,889 |

**Erro padrão da média das testemunhas = 123,22**

**Erro padrão da média dos genótipos testados = 301,83**

**Figura 1**. Ranqueamento das médias dos dados sem ajuste e ajustadas para produção de grãos (Kg/ha) de progênies de trigo e testemunhas

Como é possível ver no gráfico, ao passo que o comportamento testemunhas se mantiveram constantes, visto que suas médias não sofrem ajustes por estarem presentes em todos os blocos, entre as progênies testadas houve alteração de ranqueamento, visto que suas médias foram ajustadas em função das testemunhas, que possibilitam a comparação entre os genótipos avaliados de uma maneira mais precisa.

1. Qual é a principal diferença entre o delineamento em blocos aumentados de Federer e o parcialmente repetido de Cullis (p-rep design)? Qual foi a justificativa apresentada por Cullis et al (2006) para a proposição da nova categoria de delineamentos p-rep?

**No delineamento em blocos aumentados os tratamentos repetidos são testemunhas utilizadas para comparação dos tratamentos regulares (não repetidos). Já no delineamento parcialmente repetido, os tratamentos repetidos são os próprios genótipos a serem avaliados. Segundo Cullis e colaboradores, os “p-reps” surgiram como uma alternativa aos demais delineamentos, possibilitando a substituição das testemunhas pelos genótipos a serem testados, sem alterar o tamanho do experimento de obter pelo menos 10 graus de liberdade do erro.**

1. Planeje um experimento no delineamento p-rep para 240 genótipos e p=25% (fração de genótipos repetidos). Admitindo r = 3, apresente o plano experimental, croqui de campo, além da tabela da ANAVA com as fontes de variação e graus de liberdade.

**Tabela 5.** Tabela da análise de variância para a avaliação de 240 genótipos em Delineamento P-rep (p=25%; r=3).

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **FV** | **GL** | **SQ** | **QM** |
| Tratamentos | 239 | SQT | QMT |
| Blocos | 2 | SQB | QMB |
| Resíduo | 118 | SQR | QMR |
| Total | 359 | SQtotal |  |

I II

Imagen que contiene interior, reloj, grande, lámpara

Descripción generada automáticamente Imagen que contiene interior, foto, grande, luz

Descripción generada automáticamente

III

Imagen que contiene interior, grande, lámpara, luz

Descripción generada automáticamente

**Figura 2.** Croqui de campo do experimento em P-rep da avaliação de 240 genótipos com proporção de p = 25% e com três repetições