

INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE E DETERMINAÇÃO DO NÚMERO ADEQUADO DE LOCAIS DE EXPERIMENTAÇÃO COM BASE NAS ESTATÍSTICAS "F" DE SNEDECOR DA ANÁLISE DE VARIÂNCIA CONJUNTA

Marcos Deon Vilela de Resende *

O presente trabalho apresenta estimadores para parâmetros descritivos da interação genótipo x locais, em função das estatísticas F de Snedecor da análise de variância conjunta. A partir da estimativa destes parâmetros foram elaboradas tabelas que fornecem os ganhos em eficiência relativa, em função da utilização de locais adicionais de experimentação. Com correlação genética (\hat{r}_{gg}) acima de 0,70, entre materiais ao longo dos ambientes, recomenda-se um único local de experimentação. Com \hat{r}_{gg} entre 0,40 e 0,70, recomenda-se a utilização de dois locais de experimentação e com \hat{r}_{gg} entre 0,25 e 0,40, recomenda-se o emprego de três locais de experimentação. Para um número total fixo de indivíduos avaliados torna-se vantajosa a utilização de 4, 3 e 2 locais, para \hat{r}_{gg} de 0,30; 0,50 e 0,70, respectivamente.

PALAVRAS-CHAVE: correlação intraclasse, zonas de melhoramento, eficiência seletiva; interação genótipo x ambiente.

GENOTYPE X ENVIRONMENT INTERACTION AND ADEQUATE NUMBER OF TRIALS BASED ON THE SNEDECOR STATISTICS (F) FROM JOINT ANALYSIS OF VARIANCE

ABSTRACT

This paper presents parameter estimators concerning to genotype x site, as a function of Snedecor statistics (F) from joint analysis of variance. From these parameters, tables that present gains in selective efficiencies due to use of additional trials, were established. With genetic correlation (r_{gg}) higher than 0,70, one trial is recommended. For $0.40 < \hat{r}_{gg} < 0.70$ and $0.25 < \hat{r}_{gg} < 0.40$, 2 and 3 trials were recommended, respectively. For a fixed total number of individuals evaluated, the use of 4, 3 and 2 sites was indicated, for \hat{r}_{gg} of 0.30; 0.50 and 0.70, respectively.

KEY-WORDS: intraclass correlation, breeding zones, selective efficiency, genotype environment interaction.

1. INTRODUÇÃO

* Eng.-Agrônomo, Mestre, CREA nº 50.602/D, Pesquisador da *Embrapa Florestas*.

Um dos principais aspectos práticos do estudo da interação genótipo x ambiente refere-se à determinação do número adequado de locais de experimentação com base na magnitude desta interação. De maneira geral, a relevância prática da interação genótipo x ambiente tem sido inferida com base na magnitude relativa do componente de variância da interação genótipo x ambiente (\hat{S}_{ge}^2) em relação à variância genética (\hat{S}_g^2) obtida a partir da análise de variância conjunta de vários ambientes e também com base na estimativa do parâmetro correlação genética (\hat{r}_{gg}) entre materiais ao longo dos ambientes (Ramalho et al., 1993). O presente trabalho apresenta estimadores para estes parâmetros em função apenas dos valores da estatística "F" de Snedecor para as fontes de variação de materiais genéticos (ou progênies) e interação genótipo x ambiente e também do número de ambientes empregados na análise. A partir de valores para $\hat{S}_{ge}^2 / \hat{S}_g^2 / \hat{r}_{gg}$ são apresentadas tabelas que permitem a escolha do número de locais de melhoramento em função desses valores.

2. METODOLOGIA

Definindo-se F e F* como as estatísticas F de Snedecor para as fontes de variação materiais genéticos e interação genótipo x ambiente, respectivamente, realizando-se operações algébricas com as esperanças (Vencovsky & BARRIGA, 1992) de quadrados médios associados às fontes de variação da análise de variância conjunta sob modelo aleatório, obtiveram-se os estimadores:

$$\hat{\sigma}_{ge}^2 / \hat{\sigma}_g^2 = \frac{(1 - 1/F^*)}{F - 1} \quad \ell = \frac{\ell}{F^*} \frac{F^* - 1}{F - 1}$$

$$\hat{r}_{gg} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{ge}^2} = \frac{(F - 1)}{(F - 1) + \ell(1 - 1/F^*)} = \frac{(F - 1)}{(F - 1) + (\ell - \ell/F^*)}$$

onde ℓ refere-se ao número de ambientes ou locais incluídos na análise de variância conjunta.

Verifica-se que a proporção $\hat{S}_{ge}^2 / \hat{S}_g^2$ depende basicamente da proporção entre as estatísticas F para as respectivas fontes de variação e da proporção entre o número de locais incluídos na análise e estatística F para a fonte de variação associada à interação genótipo x ambiente.

O conceito de correlação genética entre fenótipos avaliados em diferentes ambientes para estudo da interação genótipo x ambiente foi proposto inicialmente por Falconer (1952) e a estimativa desta correlação genética como correlação intraclasse dada por $\hat{r}_{gg} = \hat{S}_g^2 / (\hat{S}_g^2 + \hat{S}_{ge}^2)$ foi estudada por Dickerson (1962). Esta estimativa de correlação genética é adequada quando mais que dois ambientes estão envolvidos e trata-se de uma correlação genética média entre pares de

ambientes.

A eficiência (E) da seleção baseada na média de vários locais de melhoramento pode ser inferida com base nas expressões do ganho genético para a seleção em um só ambiente (G_{s1}) e na média de vários ambientes (G_{s2}) (sendo h^2 equivalentes ou próximos nos vários ambientes):

$$\hat{G}_{s1} = k \hat{h}^2 \hat{\sigma}_F$$

$$\hat{G}_{s2} = k \hat{h}^2 \hat{\sigma}_F \sqrt{\frac{\ell}{1 + (\ell - 1) \hat{r}_{gg}}}$$

$$E = \frac{\hat{G}_{s2}}{\hat{G}_{s1}} = \sqrt{\frac{\ell}{1 + (\ell - 1) \hat{r}_{gg}}}$$

onde: k e $\hat{\sigma}_F$ referem-se ao diferencial de seleção em unidades de desvio padrão e desvio padrão fenotípico, respectivamente.

A expressão G_{s2} baseia-se na herdabilidade h_m^2 e variância fenotípica ($\hat{\sigma}_{Fm}^2$) associadas à média de n medições que foram derivadas inicialmente em associação com o conceito de repetibilidade (que também refere-se a uma correlação intraclasse) por LUSH (1937):

$$\hat{h}_m^2 = \frac{\ell \hat{h}^2}{1 + (\ell - 1) \hat{r}_{gg}}; \quad \hat{\sigma}_{Fm}^2 = \frac{1 + (\ell - 1) \hat{r}_{gg}}{\ell} \hat{\sigma}_F^2$$

3. RESULTADOS

3.1. Resultados gerais

Na Tabela 1 são apresentados os resultados de eficiência seletiva da seleção baseada na média de vários locais em relação à seleção baseada em um só local.

Tabela 1. Eficiência (E) da seleção baseada na média de ℓ locais em relação à seleção baseada em um só local, para vários níveis de interação genótipo x ambiente, quantificados pelos parâmetros $\hat{\sigma}_{ge}^2 / \hat{\sigma}_g^2$ e \hat{r}_{gg}

$\hat{\sigma}_{ge}^2 / \hat{\sigma}_g^2$	\hat{r}_{gg}	ℓ	Eficiência
0,05	0,9524	2	1,01
		3	1,02
0,10	0,9091	2	1,02
		3	1,03
0,20	0,8333	2	1,04
		3	1,06
0,30	0,7692	2	1,06
		3	1,09
0,40	0,7143	2	1,08
		3	1,11
<u>0,50</u>	<u>0,6667</u>	2	<u>1,10</u>
		3	1,13
		4	1,15
0,55	0,6452	2	1,10
		3	1,14
		4	1,17
0,60	0,6250	2	1,11
		3	1,15
		4	1,18
0,65	0,6061	2	1,12
		3	1,16
		4	1,19

$\hat{\sigma}_{ge}^2 / \hat{\sigma}_g^2$	\hat{r}_{gg}	t	Eficiência
0,70	0,5882	2	1,12
		3	1,17
		4	1,20
0,80	0,5556	2	1,13
		3	1,19
		4	1,22
0,90	0,5263	2	1,14
		3	1,21
		4	1,15
1,00	0,50	2	1,15
		3	1,22
		4	1,26
1,20	0,4545	2	1,17
		3	1,25
		4	1,30
<u>1,50</u>	<u>0,4000</u>	2	<u>1,19</u>
		3	<u>1,29</u>
		4	1,35
2,00	0,3333	2	1,22
		3	1,34
		4	1,41
2,30	0,3030	2	1,24
		3	1,37
		4	1,45
<u>3,00</u>	<u>0,2500</u>	2	1,26
		3	<u>1,41</u>
		4	<u>1,51</u>

$\hat{\sigma}_{ge}^2 / \hat{\sigma}_g^2$	\hat{r}_{gg}	l	Eficiência		
4,00	0,2000	2	1,29		
		3	1,46		
		4	1,58		
		5	1,67		
		5,60	0,1515	2	1,32
5,60	0,1515	3	1,52		
		4	<u>1,66</u>		
		5	<u>1,76</u>		
		9,00	0,1000	2	1,35
		9,00	0,1000	3	1,58
4	1,75				
5	<u>1,89</u>				
6	<u>2,00</u>				
19,00	0,05			2	1,38
19,00	0,05	3	1,65		
		4	1,87		
		5	2,04		
		6	2,19		
		7	2,32		
		8	2,43		
		9	2,53		

$\hat{\sigma}_{ge}^2$, $\hat{\sigma}_g^2$, \hat{r}_{gg} - estimativas dos componentes de variância da interação genótipo x ambiente e entre genótipos e correlação genética através dos ambientes, respectivamente, obtidas a partir das estatísticas F da análise de variância conjunta.

Os resultados obtidos são válidos para a seleção, envolvendo médias de materiais genéticos tais como médias de clones, médias de progênies, médias de populações. Para a seleção a nível de indivíduo, a eficiência poderá ser ainda maior pois o aumento do número total de indivíduos avaliados permite aumentar a intensidade de seleção (porém de maneira assintótica).

Os resultados são também genéricos em relação às seguintes situações do

melhoramento: (i) número de locais de melhoramento; (ii) número de avaliações repetidas ou safras em cada indivíduo; (iii) número de idades de avaliação em caracteres de crescimento contínuo ao longo das idades, desde que os incrementos (diferença entre valores fenotípicos entre 2 idades) possam ser modelados via estrutura de repetibilidade conforme apresentado Por Wei & Borralho (1996). Assim, inferências podem ser realizadas sobre números adequados de atributos em todas as situações em que os coeficientes de correlação se referirem a correlação intraclasse.

3.2. Aplicação da metodologia

Com base no exemplo (análise de variância conjunta envolvendo 9 locais) de Cruz & Regazzi (1994, p.11) onde são apresentados $F=3,00$ e $F^*=8,86$, tem-se as seguintes estimativas para os parâmetros $\hat{\sigma}_{ge}^2 / \hat{\sigma}_g^2$ e \hat{r}_{gg}

$$\hat{\sigma}_{ge}^2 / \hat{\sigma}_g^2 = \frac{1 - 1/F^*}{F - 1} \quad \ell = \frac{1 - 1/8,86}{3 - 1} \quad 9 = 3,99 \cong 4,0$$

$$\hat{r}_{ge} = \frac{F - 1}{(F - 1) + (\ell - \ell/F^*)} = \frac{3 - 1}{(3 - 1) + (9 - 9/8,86)} = 0,2003 \cong 0,20$$

Entrando na Tabela 1, com 4,0 para $\hat{\sigma}_{ge}^2 / \hat{\sigma}_g^2$ e 0,20 para \hat{r}_{gg} , tem-se que as eficiências para a seleção com base na média de 2, 3, 4 e 5 locais em relação à seleção em um só local são 29%, 46%, 58% e 67%, respectivamente. Considerando ser vantajosa a utilização de um local a mais, apenas quando o ganho em eficiência for superior a 10%, tem-se que seria adequada a utilização de 4 locais de experimentação.

A metodologia apresentada é extremamente prática, podendo ser utilizada facilmente pelo melhorista de campo, pois baseia-se apenas nos valores de F, os quais são fornecidos por inúmeros pacotes estatísticos.

3.3. Número adequado de locais de experimentação para um número total fixo de indivíduos a serem avaliados

O número adequado de locais de experimentação para um número total fixo de indivíduos depende da herdabilidade do caráter e da correlação genética intraclasse através dos locais. Fixando-se em $n\ell$ o número total de indivíduos por acesso, onde n refere-se ao número de indivíduos por local, tem-se os seguintes estimadores (obtidos com base em Dickerson, 1962) para as variâncias fenotípicas a nível de

médias de acesso, considerando a avaliação dos $n\ell$ indivíduos em um só ambiente ou em vários ambientes:

$$\hat{\sigma}_{F\ell}^2 = \left(\hat{h}^2 + \frac{1 - \hat{h}^2}{n\ell} \right) \hat{\sigma}_{Fi}^2$$

$$\hat{\sigma}_{Fm}^2 = \left[\hat{r}_{gg} \hat{h}^2 + \frac{(1 - \hat{r}_{gg})}{\ell} \hat{h}^2 + \frac{(1 - \hat{h}^2)}{n\ell} \right] \hat{\sigma}_{Fi}^2$$

onde:

$\hat{\sigma}_{F\ell}^2$ e $\hat{\sigma}_{Fm}^2$ = variâncias fenotípicas a nível de médias de acesso para o local ℓ e na média dos ℓ locais, respectivamente.

$\hat{\sigma}_{Fi}^2$ = variância fenotípica a nível de indivíduo dentro de locais.

$\hat{h}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{ge}^2}{\hat{\sigma}_{Fi}^2}$ = herdabilidade a nível de indivíduo dentro de locais.

A eficiência (E) da seleção baseada em vários locais em relação à seleção baseada em um só local é dada por:

$$E = \frac{\hat{G}_{s2}}{\hat{G}_{s1}} = \left[\frac{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{ge}^2 + \hat{\sigma}_d^2/n\ell}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_{ge}^2}{\ell} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{n\ell}} \right]^{1/2} = \left[\frac{\hat{h}^2 + (1 - \hat{h}^2)/n\ell}{\hat{r}_{gg} \hat{h}^2 + \frac{(1 - \hat{r}_{gg})}{\ell} \hat{h}^2 + (1 - \hat{h}^2)/n\ell} \right]^{1/2} = \left[\frac{1 + (n\ell - 1) \hat{h}^2}{1 + (n - 1) \hat{h}^2 + n(\ell - 1) \hat{r}_{gg} \hat{h}^2} \right]^{1/2}$$

onde, $\hat{\sigma}_d^2$ refere-se a variação residual dentro de locais.

Na Tabela 2, são apresentados valores de eficiência para alguns valores de n , ℓ , e r_g para $\hat{h}^2 = 0,20$.

Tabela 2. Eficiência da experimentação em vários locais (ℓ) em relação a um só local, considerando um número total ($n\ell$) fixo de indivíduos avaliados, para várias magnitudes de correlação genética (r_{gg}) intraclasses através dos locais, número (n) de indivíduos por acesso e herdabilidade (h^2)* de 20%.

h^2	$n\ell$	ℓ	n	r_{gg}	E	Incremento
0,20	30	2	15,0	0,30	1,20	20
		3	10,0	0,30	1,30	10
		4	7,5	0,30	1,38	8
		5	6,0	0,30	1,40	2
0,20	30	2	15,0	0,50	1,13	13
		3	10,0	0,50	1,19	6
		4	7,5	0,50	1,22	3
		5	6,0	0,50	1,24	2
0,20	30	2	15,0	0,70	1,07	7
		3	10,0	0,70	1,10	3
		4	7,5	0,70	1,12	2
		5	6,0	0,70	1,13	1

Para $\hat{h}^2 = 0,20$, 30 indivíduos por família conduzem a acurácias da ordem de 90% da máxima possível para a seleção de indivíduos para propagação por sementes ou de clones para propagação vegetativa (Resende, 1995).

4.CONCLUSÕES

Considerando ser vantajosa a utilização de um local a mais, apenas quando o ganho em eficiência for superior a 10%, com base na Tabela 1, recomendam-se:

- dois locais de experimentação, com correlação genética entre 0,40 e 0,70;
- 3 locais, com correlação genética entre 0,25 e 0,40;
- 4 locais, com correlação genética entre 0,15 e 0,25,;

- 5 locais, com correlação genética entre 0,10 e 0,15;
- utilizar de 6 a 8 locais de experimentação com correlação genética entre 0,05 e 0,10 e 9 locais com correlação genética $< 0,05$;
- um único local de experimentação com $r_{gg} > 0,70$ ou $\hat{S}_{ge}^2 / \hat{S}_g^2 < 0,5$, e pares de locais com parâmetros nesta faixa podem ser agrupados em uma mesma zona de melhoramento;
- jamais se justifica a utilização de mais de 9 locais de experimentação, para a seleção com base em médias;
- com correlação baixa ($< 25\%$), ou negativa, provavelmente seja mais vantajosa a seleção em locais específicos ou a seleção de materiais estáveis;
- para um número total fixo de indivíduos avaliados conclui-se, com base na Tabela 2, que torna-se vantajosa (ganho 6%) a utilização de 4, 3 e 2 locais para correlações de magnitudes da ordem de 0,30; 0,50 e 0,70, respectivamente.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994, 390p.
- DICKERSON, G.E. Implications of genetic-environmental interactions in animal breeding. **Animal Production**, v.4, p.47-57, 1962.
- FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. **American Naturalist**, v.86, p.293-298, 1952.
- LUSH, J.L. **Animal breeding plans**. [S.l]: Iowa State University Press, 1937. 410p.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMAN, M.J. **Genética quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.
- RESENDE, M.D.V. de. Delineamento de experimentos de seleção para a maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista Árvore**, v.19, n.4, p.479-500, 1995.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.
- WEI, X.; BORRALHO, N.M.G.; DIETERS, M.J.; MATHESON, A.C.; NIKLES, D.G.; HARWOOD, C.E.; WALKER, S.M., ed. A simple model to describe age trends in heritability in short rotation tree species. In: QFRI-IUFRO CONFERENCE, 1996, Caloundra, Queensland. **Proceedings**. Gympie: Queensland Forestry Research Institute, 1996. p.178-181. Paper.