

Tamanho Amostral para Detecção de Diferenças Significativas entre Tratamentos

Marcos Deon Vilela de Resende¹

José Alfredo Sturion²

José Carlos Duarte Pereira³

RESUMO

No presente trabalho são apresentados os tamanhos amostrais adequados à detecção de diferenças significativas entre tratamentos experimentais empregados na pesquisa científica. A abordagem empregada baseia-se na magnitude do coeficiente de determinação (R^2) dos efeitos de tratamentos. O tamanho amostral necessário diminui com o aumento do R^2 da variável. Para detecção de diferenças de magnitudes equivalente a um desvio padrão da variável, o tamanho amostral necessário varia de 15 a 5 para R^2 variando de 5% a 70%.

Palavras-chaves: Estatística Experimental; Amostragem; Pesquisa Científica.

¹ Engenheiro-Agrônomo, Doutor, Pesquisador da *Embrapa Florestas*. deon@cnpf.embrapa.br

² Engenheiro Florestal, Doutor, Pesquisador da *Embrapa Florestas*. sturion@cnpf.embrapa.br

³ Engenheiro-Agrônomo, Doutor, Pesquisador da *Embrapa Florestas*. jcarlos@cnpf.embrapa.br

Sample Size for Detecting Significant Differences Among Treatments

ABSTRACT

Sample sizes required for the detection of significant differences among experimental treatments in scientific research are presented. An approach based on the magnitude of the coefficient of determination (R^2) among treatments was used. The required sample sizes decrease with increase in R^2 . For detecting true differences with magnitudes of one standard deviation of the trait, the required sample size are 15 to 5 for R^2 ranging from 5% to 70%.

Key-words: Experimental Statistics; Sampling; Scientific Research.

Informações referentes ao tamanho amostral adequado são essenciais no planejamento e execução da experimentação científica. A presente nota objetiva fornecer os tamanhos amostrais adequados em função do coeficiente de determinação ou herdabilidade dos efeitos de tratamentos.

Os livros básicos de estatística fornecem a seguinte expressão para cálculo do tamanho amostral (N) adequado (Snedecor & Cochran, 1967; Steel & Torrie, 1980):

$$N = \frac{(z_{\alpha} + z_{\beta})^2 \sigma_D^2}{\delta^2}, \text{ em que:}$$

z_{α} e z_{β} : valores da função distribuição acumulada da distribuição normal padrão, associados às probabilidades de erro tipo (α) e erro tipo II (β), em teste de hipótese unilateral;

σ_D^2 : variância da diferença entre duas médias de tratamentos;

δ : tamanho da diferença verdadeira entre duas médias, que se deseja discriminar como significativa.

Para testes bilaterais a expressão de N passa a ser:

$$N = \frac{(z_{\alpha/2} + z_{\beta})^2 \sigma_D^2}{\delta^2}$$

A quantidade $(1 - \beta)$ é equivalente a P, a probabilidade de que o experimento exiba uma diferença estatisticamente significativa entre médias de tratamentos. Probabilidades de 0,80 e 0,90 são comuns e adequadas na prática. Probabilidades maiores tais quais 0,95 ou 0,99, podem ser consideradas, mas os tamanhos amostrais necessários para atingir tais especificações são anti-econômicos (Snedecor & Cochran, 1967).

Valores de $(z_{\alpha} + z_{\beta})^2$ e $(z_{\alpha/2} + z_{\beta})^2$ apresentados por Snedecor & Cochran (1967) são apresentados na sequência:

	Testes Bilaterais $(z_{\alpha/2} + z_{\beta})^2$			Testes Unilaterais $(z_{\alpha} + z_{\beta})^2$		
P	Nível de Significância α			Nível de Significância α		
	0,01	0,05	0,10	0,01	0,05	0,10
0,80	11,7	7,9	6,2	10,0	6,2	4,5
0,90	14,9	10,5	8,6	13,0	8,6	6,6
0,95	17,8	13,0	10,8	15,8	10,8	8,6

Verifica-se que os multiplicadores de $\frac{\sigma_D^2}{\delta^2}$ para os testes unilaterais, ao nível de significância de 5%, equivalem aos multiplicadores para os testes bilaterais ao nível de significância de 10%. Como ilustração, o valor de $(z_{\alpha} + z_{\beta})^2 = 8,6$ para o teste unilateral ao nível de 5% de significância e com probabilidade de 90% de obtenção de diferenças significativas entre tratamentos é dado por $[(z_{\alpha} = z_{0,05} = 1,645) + (z_{\beta} = z_{1-p} = z_{0,10} = 1,282)]^2 = 8,6$.

A variância σ_D^2 da diferença entre médias para amostras independentes é dada por $\sigma_D^2 = 2\sigma^2$, em que σ^2 é a variância residual da população ou variância do erro. Em testes de progênies σ^2 equivale a $(1 - \rho_a h_a^2) \sigma_y^2$ para progênies de meios irmãos e $1 - [\rho_a h_a^2 + \rho_d (h_g^2 - h_a^2)] \sigma_y^2$ para progênies de irmãos germanos (Resende, 2002), em que:

ρ_a e ρ_d : correlação genética aditiva e de dominância entre indivíduos das progênes, respectivamente. O coeficiente ρ_a equivale a 0,25 para meios irmãos e 0,5 para irmãos germanos e ρ_d equivale a 0,25 para irmãos germanos;

h_a^2 e h_g^2 : herdabilidade individual no sentido restrito e amplo, respectivamente;
 σ_y^2 : variância fenotípica da população.

Para progênes de meios irmãos, $\sigma_D^2 = 2\sigma^2 = 2(1 - 0,25h_a^2)\sigma_y^2$ e a expressão do tamanho amostral torna-se:

$$N = \frac{(z_\alpha + z_\beta)^2 2(1 - 0,25h_a^2)\sigma_y^2}{\delta^2}$$

Assim, para determinação do tamanho amostral é necessário:

- Uma estimativa de σ^2 , no caso representada por h_a^2 e σ_y^2
- Escolha de uma probabilidade de P de obtenção de diferenças significativas entre médias de tratamentos;
- Escolha do nível de significância do teste unilateral ou bilateral;
- Tamanho da diferença verdadeira δ que se deseja detectar como significativa.

A diferença δ pode ser definida em termos de desvios padrões fenotípicos e, então, ser expressa como $\frac{\delta}{\sigma_y}$, a mínima diferença em desvios padrões fenotípicos que se deseja detectar como significativa.

Trabalhando-se a equação para N, obtêm-se:

$$\frac{\delta^2}{\sigma_y^2} = \frac{(z_\alpha + z_\beta)^2 (2 - 0,5h_a^2)}{N}$$

A mínima diferença $\frac{\delta}{\sigma_y}$ decresce assintoticamente com o aumento de N, de forma que pode-se determinar N que praticamente minimiza $\frac{\delta}{\sigma_y}$.

Tomando-se como adequado $P = 0,90$ e $\alpha = 5\%$ para o teste unilateral (ou $\alpha = 10\%$ para o teste bilateral), tem-se $(z_\alpha + z_\beta)^2 = 8,6$ e a função a ser minimizada é dada por $\frac{\delta}{\sigma_y} = \left[\frac{(17,2 - 4,3h_g^2)}{N} \right]^{1/2}$.

Esta expressão deve ser trabalhada para diferentes valores de h_a^2 e para valores crescentes de N .

Para experimentos envolvendo tratamentos genéricos, tais como variedades, linhagens, híbridos, clones, procedências, espécies, a correlação intraclassa equivale a h_g^2 e $\sigma_D^2 = 2(1 - h_g^2)\sigma_y^2$. Neste caso, a expressão para N passa a ser dada por:

$$N = \frac{(z_\alpha + z_\beta)^2 2(1 - h_g^2)\sigma_y^2}{\delta^2}$$

e a função a ser minimizada é dada por:

$$\frac{\delta}{\sigma_y} = \left[\frac{17,2(1 - h_g^2)}{N} \right]^{1/2}$$

Neste caso, h_g^2 representa genericamente a herdabilidade individual dos efeitos de tratamentos, dada por $h_g^2 = \frac{\sigma_t^2}{\sigma_y^2}$, em que σ_t^2 é variância entre tratamentos. Sendo um pouco mais genérico, para contemplar também os tratamentos de efeitos fixos e outros tratamentos não genéticos, h_g^2 representa um coeficiente de determinação individual (R^2) dos efeitos de tratamento.

Esta abordagem pode ser aplicada também quando tratamentos são analisados ao nível de médias de parcela. Nesta situação h_g^2 refere-se à herdabilidade (ou coeficiente de determinação) de tratamentos ao nível de parcela e o valor N refere-se ao número de repetições a ser adotado. No caso de testes de progênies, N refere-se ao número de repetições para o caso de 1 planta por parcela ou avaliação ao nível de média de parcela. Para experimentos com

várias plantas por parcela, N equivale ao número de repetições multiplicado pelo número de plantas por parcela.

Na Tabela 1 estão assinalados os tamanhos amostrais necessários para a detecção de diferenças da ordem de aproximadamente um desvio padrão e meio desvio padrão entre médias de tratamentos. Verifica-se que para materiais mais variáveis geneticamente (como progênies de meios irmãos) os tamanhos amostrais requeridos são maiores. O tamanho amostral necessário diminui com o aumento da herdabilidade ou R^2 da variável, mas esta redução é pequena.

Considerando o objetivo de se detectar diferenças de magnitude equivalente a um desvio padrão da característica, tem-se: (i) para progênies de meios irmãos, o tamanho amostral necessário varia em torno de 15 para as diferentes herdabilidades; (ii) para clones, populações e tratamentos genéricos, o tamanho amostral necessário varia de 15 para a herdabilidade de 5% a 5 para a herdabilidade de 70%.

Se o objetivo for a detecção de diferenças menores (da ordem de 0,5 desvio padrão) entre médias de tratamentos, maiores tamanhos amostrais são requeridos. Estes tamanhos são: (i) para progênies de meios irmãos, varia de 70 a 50 para as herdabilidades ou R^2 de 5% a 90%; (ii) para clones, populações e tratamentos genéricos, varia de 60 a 5 para as herdabilidades ou R^2 de 5% a 90%.

É importante ressaltar que a abordagem apresentada é válida para avaliar tratamentos assumidos como de efeitos fixos. Isto porque a derivação da expressão básica apresentada por Steel & Torrie (1980) e Snedecor & Cochran (1967) baseia-se em testes de hipótese, cuja teoria considera os efeitos de tratamentos como fixos. Entretanto, isto não impede que informações intrínsecas à variável analisada, tais como a herdabilidade (obtidas em estudos considerando os efeitos de tratamentos como aleatórios) possam ser usadas no planejamento dos experimentos envolvendo tratamentos de efeitos fixos. Neste caso, h^2 desempenha o papel de R^2 nas expressões apresentadas.

Tabela1. Tamanho amostral (N), em função do coeficiente de determinação individual (R^2) dos efeitos de tratamento, para detecção de diferenças significativas entre tratamentos em número de desvios padrões fenotípicos (δ/σ_y).

h^2 ou R^2	N	Meios-Irmãos	Tratamentos Genéricos
		δ/σ_y	δ/σ_y
0,05	5	1,84	1,81
0,05	10	1,30	1,28
0,05	15	1,06	1,04
0,05	20	0,92	0,90
0,05	30	0,75	0,74
0,05	40	0,65	0,64
0,05	50	0,58	0,57
0,05	60	0,53	0,52
0,05	70	0,49	0,48
0,05	80	0,46	0,45
0,05	90	0,43	0,43
0,05	100	0,41	0,40
0,1	5	1,83	1,76
0,1	10	1,29	1,24
0,1	15	1,06	1,02
0,1	20	0,92	0,88
0,1	30	0,75	0,72
0,1	40	0,65	0,62
0,1	50	0,58	0,56
0,1	60	0,53	0,51
0,1	70	0,49	0,47
0,1	80	0,46	0,44
0,1	90	0,43	0,41
0,1	100	0,41	0,39
0,15	5	1,82	1,71
0,15	10	1,29	1,21
0,15	15	1,05	0,99
0,15	20	0,91	0,85
0,15	30	0,74	0,70
0,15	40	0,64	0,60
0,15	50	0,58	0,54
0,15	60	0,53	0,49
0,15	70	0,49	0,46
0,15	80	0,45	0,43
0,15	90	0,43	0,40
0,15	100	0,41	0,38

continua...

Tabela 1. *continuação...*

h^2 ou R^2	N	Meios-Irmãos	Tratamentos Genéricos
		δ / σ_y	δ / σ_y
0,2	5	1,81	1,66
0,2	10	1,28	1,17
0,2	15	1,04	0,96
0,2	20	0,90	0,83
0,2	30	0,74	0,68
0,2	40	0,64	0,59
0,2	50	0,57	0,52
0,2	60	0,52	0,48
0,2	70	0,48	0,44
0,2	80	0,45	0,41
0,2	90	0,43	0,39
0,2	100	0,40	0,37
0,25	5	1,80	1,61
0,25	10	1,27	1,14
0,25	15	1,04	0,93
0,25	20	0,90	0,80
0,25	30	0,73	0,66
0,25	40	0,63	0,57
0,25	50	0,57	0,51
0,25	60	0,52	0,46
0,25	70	0,48	0,43
0,25	80	0,45	0,40
0,25	90	0,42	0,38
0,25	100	0,40	0,36
0,3	5	1,78	1,55
0,3	10	1,26	1,10
0,3	15	1,03	0,90
0,3	20	0,89	0,78
0,3	30	0,73	0,63
0,3	40	0,63	0,55
0,3	50	0,56	0,49
0,3	60	0,51	0,45 <i>continua...</i>

Tabela1. *continuação...*

h^2 ou R^2	N	Meios-Irmãos	Tratamentos Genéricos
		δ / σ_y	δ / σ_y
0,3	70	0,48	0,41
0,3	80	0,45	0,39
0,3	90	0,42	0,37
0,3	100	0,40	0,35
0,35	5	1,77	1,50
0,35	10	1,25	1,06
0,35	15	1,02	0,86
0,35	20	0,89	0,75
0,35	30	0,72	0,61
0,35	40	0,63	0,53
0,35	50	0,56	0,47
0,35	60	0,51	0,43
0,35	70	0,47	0,40
0,35	80	0,44	0,37
0,35	90	0,42	0,35
0,35	100	0,40	0,33
0,4	5	1,76	1,44
0,4	10	1,24	1,02
0,4	15	1,02	0,83
0,4	20	0,88	0,72
0,4	30	0,72	0,59
0,4	40	0,62	0,51
0,4	50	0,56	0,45
0,4	60	0,51	0,41
0,4	70	0,47	0,38
0,4	80	0,44	0,36
0,4	90	0,41	0,34
0,4	100	0,39	0,32

continua...

Tabela1. *continuação...*

h^2 ou R^2	N	Meios-Irmãos	Tratamentos Genéricos
		δ / σ_y	δ / σ_y
0,45	5	1,75	1,38
0,45	10	1,24	0,97
0,45	15	1,01	0,79
0,45	20	0,87	0,69
0,45	30	0,71	0,56
0,45	40	0,62	0,49
0,45	50	0,55	0,43
0,45	60	0,50	0,40
0,45	70	0,47	0,37
0,45	80	0,44	0,34
0,45	90	0,41	0,32
0,45	100	0,39	0,31
0,5	5	1,73	1,31
0,5	10	1,23	0,93
0,5	15	1,00	0,76
0,5	20	0,87	0,66
0,5	30	0,71	0,54
0,5	40	0,61	0,46
0,5	50	0,55	0,41
0,5	60	0,50	0,38
0,5	70	0,46	0,35
0,5	80	0,43	0,33
0,5	90	0,41	0,31
0,5	100	0,39	0,29
0,55	5	1,72	1,24
0,55	10	1,22	0,88
0,55	15	0,99	0,72
0,55	20	0,86	0,62
0,55	30	0,70	0,51
0,55	40	0,61	0,44
0,55	50	0,54	0,39
0,55	60	0,50	0,36
0,55	70	0,46	0,33
0,55	80	0,43	0,31
0,55	90	0,41	0,29
0,55	100	0,39	0,28

continua...

Tabela 1. *continuação...*

h^2 ou R^2	N	Meios-Irmãos	Tratamentos Genéricos
		δ / σ_y	δ / σ_y
0,6	5	1,71	1,17
0,6	10	1,21	0,83
0,6	15	0,99	0,68
0,6	20	0,85	0,59
0,6	30	0,70	0,48
0,6	40	0,60	0,41
0,6	50	0,54	0,37
0,6	60	0,49	0,34
0,6	70	0,46	0,31
0,6	80	0,43	0,29
0,6	90	0,40	0,28
0,6	100	0,38	0,26
0,7	5	1,68	1,02
0,7	10	1,19	0,72
0,7	15	0,97	0,59
0,7	20	0,84	0,51
0,7	30	0,69	0,41
0,7	40	0,60	0,36
0,7	50	0,53	0,32
0,7	60	0,49	0,29
0,7	70	0,45	0,27
0,7	80	0,42	0,25
0,7	90	0,40	0,24
0,7	100	0,38	0,23

continua...

Tabela 1. *continuação...*

h^2 ou R^2	N	Meios-Irmãos	Tratamentos Genéricos
		δ / σ_y	δ / σ_y
0,8	5	1,66	0,83
0,8	10	1,17	0,59
0,8	15	0,96	0,48
0,8	20	0,83	0,41
0,8	30	0,68	0,34
0,8	40	0,59	0,29
0,8	50	0,52	0,26
0,8	60	0,48	0,24
0,8	70	0,44	0,22
0,8	80	0,41	0,21
0,8	90	0,39	0,20
0,8	100	0,37	0,19
0,9	5	1,63	0,59
0,9	10	1,15	0,41
0,9	15	0,94	0,34
0,9	20	0,82	0,29
0,9	30	0,67	0,24
0,9	40	0,58	0,21
0,9	50	0,52	0,19
0,9	60	0,47	0,17
0,9	70	0,44	0,16
0,9	80	0,41	0,15
0,9	90	0,38	0,14
0,9	100	0,37	0,13

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975 p.

SNEDECOR, G. W.; COCHRAN, W. G. **Statistical methods**. 6th ed. Iowa: Iowa State University Press, 1967. 507 p.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics**. 2th ed. New York: Mc Graw-Hill, 1980. 633 p.