

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO  
ESCOLA SUPERIOR DE AGRICULTURA “LUIZ DE QUEIROZ”  
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS EXATAS  
LCE 5801-5 Geoestatística – 2011/02  
**RESENHA 1**

**Nome:** Elisângela Aparecida de Oliveira

**Nº USP:** 7458358

**Prof.:** Paulo Justiniano Ribeiro Junior

**SPATIAL STATISTICAL ANALYSIS AND SELECTION OF GENOTYPES  
IN PLANT BREEDING**

João Batista Duarte and Roland Vencovsky

Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.40, n. 2, p. 107-114, fev. 2005.

Segundo os autores no melhoramento de plantas, duas características indicam as fases preliminares dos programas seletivos: o grande número de novos genótipos a serem avaliados e a pequena quantidade de material para sua propagação. Ambos limitam o uso de repetições destes tratamentos genéticos, que são frequentemente avaliados em uma única parcela experimental, ou seja, sem repetições. A limitada disponibilidade de material de propagação força o pesquisador a adotar lotes pequenos, geralmente com apenas uma ou duas fileiras de plantas. Isso aumenta a chance de violar a independência entre as observações assumida quando se usa o método MQO (método dos mínimos quadrados ordinários), devido à semelhança provável de observações de parcelas vizinhas. Esse fenômeno, chamado de correlação espacial (também chamado de dependência espacial ou autocorrelação) pode afetar seriamente a comparação de tratamentos e assim os testes estatísticos associados com tratamentos contrastantes em parcelas mais próximas têm maior probabilidades de erro tipo II e parcelas mais distantes tem maiores probabilidades de erro de tipo I.

Deste modo o objetivo dos autores neste artigo foi avaliar a eficiência da análise estatística espacial na seleção de genótipos de plantas num programa de melhoramento. Os autores demonstraram os benefícios potenciais dessa abordagem quando as observações experimentais não são espacialmente independentes.

O material consistiu de um ensaio de competição de linhagens de soja, com cinco cultivares testemunhas (de efeitos fixos) e 110 novos genótipos (de efeitos aleatórios), delineado em blocos aumentados em que apenas os dados de rendimento de grãos (kg ha-1) foram considerados. Ou seja, a variável resposta considerada foi o rendimento de grãos e não

foi citada nenhuma covariável neste estudo. A parcela correspondeu a duas fileiras de plantas, espaçadas de 0,6 m de largura e 5 m de comprimento. Para a análise estatística espacial, foi necessário obter as distâncias (em metros) entre as parcelas, o que foi feito a partir das coordenadas geográficas do centro de cada parcela no grid do campo experimental - COORDX representou a coordenada largura das parcelas e COORDY a coordenada comprimento.

Foram utilizados dois modelos matemáticos para análise estatística: um modelo que assume observações espacialmente independentes e um modelo que permite correlações espaciais entre as observações. Em ambos os casos, os efeitos dos novos genótipos foram tomados como aleatórios e assim, ambos são modelos mistos e a única diferença entre eles é a suposição sobre o erro experimental ( $e_{ijk}$ ) que no primeiro caso se presume ser independente, isto é, covariância nula entre os erros de parcelas diferentes, e com distribuição  $N(0, \sigma_e^2)$ , já no segundo modelo, o termo  $e_{ijk}$  é assumido como tendo distribuição  $e_{ijk} \sim N[0, C(h)]$ , em que  $C(h)$  é a covariância entre dois erros de parcelas que estão separados a  $h$  unidades de distância ( $h \geq 0$ ).

Os autores avaliaram a dependência espacial por meio do variograma utilizando o modelo exponencial. O ajuste espacial foi feito pelo modelo linear de campo aleatório (RFLM), com função de autocovariância estimada a partir dos resíduos da análise sob erros independentes. Os resultados apontaram uma autocorrelação residual de magnitude e alcance significativos, o que garantiu à abordagem espacial uma melhoria considerável na discriminação dos tratamentos genéticos – aumento do poder dos testes estatísticos, redução nos erros padrão de estimativas e de preditores e alargamento na amplitude das predições genotípicas.

A análise espacial levou a um diferente ordenamento das linhagens em relação à análise não espacial e a uma seleção menos influenciada pela variação local; tais diferenças podem ter consequências importantes para o resultado final de programas de melhoramento de plantas.

Os autores não pretenderam representar a melhor abordagem espacial para o conjunto de dados analisados, mas sim, demonstrar os benefícios de uma análise estatística menos restritiva em comparação com a tradicional, baseado em observações independentes espacialmente, o que seria interessante, visto que o modelo considerando a análise espacial garantiu uma melhoria considerável na discriminação dos tratamentos genéticos. A obtenção da melhor modelagem espacial poderia ser feita considerando outros métodos de estimação.

O artigo é interessante e possibilita novos estudos utilizando a abordagem espacial no estudo de melhoramento genético.