

CAPÍTULO 1

REFERENCIAL TEÓRICO

1. DELINEAMENTOS EM BLOCOS

1.1. Informações gerais

Os delineamentos em blocos foram idealizados por Ronald Fisher, em 1925, com o propósito de eliminar o efeito da heterogeneidade presente nas unidades experimentais sobre a comparação dos tratamentos (princípio experimental denominado *controle local*). Fisher propôs que se fizessem grupos de parcelas homogêneas (blocos), os quais receberiam, cada um, uma repetição de todos os tratamentos. Este delineamento é denominado *blocos completos casualizados*, caracterizando-se pelo aparecimento de todos os tratamentos em cada bloco, ou seja, uma situação de completa ortogonalidade. Apesar de seu grande uso na pesquisa agropecuária, como comenta Barbosa (1986), existem situações em que se pretende testar um grande número de tratamentos e, na maioria destes casos, esse número excede o que se poderia acomodar nos blocos disponíveis. A opção de eliminar tratamentos não é tida, normalmente, como uma estratégia desejável.

Para atender tais situações Frank Yates (colega de Fisher em Rothamsted, Inglaterra), em 1936, introduziu os delineamentos de *blocos incompletos*. Neles é possível testar um grande número de tratamentos, pois, cada bloco não contém mais todos os tratamentos. Daí, a denominação de *bloco incompleto*. Isto caracteriza uma situação de não ortogonalidade, visto que os tratamentos não são alocados exatamente aos mesmos blocos. Assim, os tratamentos recebem influências diferenciadas conforme os blocos em que ocorreram, o que exige, na análise estatística, o ajustamento de seus totais e médias para os efeitos de blocos. Tal fato, entretanto, resulta numa certa complexidade da análise estatística, o que, segundo Pimentel Gomes (1990), é frequentemente compensado por uma redução no desvio padrão residual. Mesmo assim, como enfatizam Gomez & Gomez (1984), a garantia de precisão razoável, nestes delineamentos, é função do uso de blocos pequenos, com grande homogeneidade das parcelas dentro deles.

Uma série de tipos de *blocos incompletos* tem sido utilizada na pesquisa agropecuária. Yates (1936) introduziu os *Blocos Incompletos Balanceados (BIB - Balanced Incomplete Block)*, entre os quais se incluem os “lattices” ou reticulados quadrados balanceados. A condição de balanceamento é que o número de blocos contendo um determinado par de tratamentos (λ) deve ser constante para todos os pares possíveis. Assim, estimativas de contrastes entre médias de dois tratamentos têm, sempre, a mesma precisão. Entretanto, dadas as exigências do balanceamento, estes planos são inexequíveis para certos números de tratamentos; assim como é impraticável o número de repetições requeridas se o número de tratamentos for elevado. Então, Bose & Nair (1939) propuseram os *Blocos Incompletos Parcialmente Balanceados (PBIB - Partially Balanced Incomplete Block)*. Estes tiveram utilização bem maior e foram generalizados por Nair & Rao (1942) para cobrir todos os delineamentos previamente conhecidos (Rao, 1947). Neles, o número de blocos que contém um determinado par de tratamentos é variável, até certo ponto, conforme o par considerado, resultando nas chamadas classes de associados (cada classe representa um grupo de pares de tratamentos com um mesmo λ). Neste caso, a variância de uma estimativa de contraste de médias de tratamentos assume valores distintos para cada tipo de associação, como exemplo nos *PBIB₍₂₎*, com duas classes, em que este parâmetro assume dois valores.

Classificações ainda mais específicas são disponíveis. Por exemplo, os *BIB*'s dividem-se em três tipos (I, II e III), conforme os blocos possam ou não ser arrançados em repetições ou grupos de repetições (Pimentel Gomes, 1990). Cochran & Cox (1957) chegaram a considerar cinco tipos, o que, segundo Pimentel Gomes, é desnecessário. Na literatura internacional sobre blocos incompletos surge ainda o termo “resolvable designs”, referindo-se aos planejamentos em que os blocos podem ser divididos em r (número de repetições de cada tratamento) grupos, de tal forma que cada grupo contém uma repetição completa dos tratamentos (John, 1971). Esta estrutura permite construir uma análise de variância tal que a soma de quadrados (SQ) de blocos, ignorando tratamentos, possa ser desdobrada numa SQ para repetições e noutra SQ para blocos dentro de repetições.

Outros esquemas experimentais usados para o teste de elevado número de tratamentos ou em situações em que o número de parcelas por bloco é inferior ao número de tratamentos, ainda podem ser listados como blocos incompletos. Entre estes estão: a classe dos *delineamentos aumentados*, os *blocos casualizados com tratamentos comuns* e os *arranjos com confundimento*. Neste trabalho enfocar-se-ão, em especial, os delineamentos aumentados, propostos por Federer (1956; 1961a; 1961b), Federer & Raghavarao (1975) e Federer *et al.* (1975).

Na realidade, todos esses planejamentos (*BIB*, *PBIB*, etc.) podem ser vistos como casos especiais dos delineamentos em blocos. Num delineamento generalizado, os blocos não necessitam ser de mesmo tamanho, nem os tratamentos precisam aparecer o mesmo número de vezes no experimento. Então, considerando-se v tratamentos e b blocos, pode-se supor que o i -ésimo tratamento seja testado em r_i parcelas e que o j -ésimo bloco contenha k_j parcelas (com $r_i, k_j > 0$). Também não é necessário assumir $k_j < v$ para todo bloco. Basta definir $\mathbf{N}_{(v \times b)} = (n_{ij})$, a forma geral da matriz de incidências do delineamento, sendo n_{ij} o número de vezes que o i -ésimo tratamento aparece no j -ésimo bloco.

Curiosamente, mesmo sob esta abordagem geral, a variedade de classificações ainda é grande. Assim, se n_{ij} assume apenas dois valores (0 ou 1), para todos os pares (i, j) , o delineamento é dito *binário*, se três valores (0, 1, 2) é chamado *ternário* e assim por diante (no caso geral, quando n_{ij} assume valores $0, 1, \dots, p-1$ é dito *p-ário*). Ademais, se $k_j = k$ para todo j , ele é chamado *próprio*; e se $r_i = r$ para todo i , então, o delineamento é denominado *equi-replicado*. Na maioria das aplicações, os delineamentos utilizados são próprios, binários e equi-replicados. Mas, as classificações não param por aí. Um delineamento $D(v, b, r, k)$, *próprio* e *equi-replicado*, é dito ser α -*resolvable* se os b blocos podem ser divididos em m grupos contendo n blocos cada, tal que em cada grupo todo tratamento apareça α vezes, resultando em: $v\alpha = kn$, $b = mn$, $r = m\alpha$. Logo, se $\alpha = 1$ tem-se um *1-resolvable* ou simplesmente um *resolvable design*, como anteriormente mencionado (Nigam *et al.*, 1989). Nota-se, portanto, que há classificações redundantes e/ou com certas sobreposições, ou seja, elas não são todas mutuamente exclusivas.

Esse excesso de categorias, ao certo, tem contribuído para um afastamento da abordagem geral de delineamentos em blocos, o que dificulta um melhor entendimento da teoria desses delineamentos por muitos dos que deles fazem uso. Além disso, a notação extensa e carregada de fórmulas desenvolvidas para casos particulares, expressas em termos de observações individuais ao invés de vetorialmente, obscurece conceitos gerais simples. Muitas vezes, os usuários julgam tratar-se de uma diversidade enorme de delineamentos, de difícil análise e, portanto, a eles inacessível; o que não é necessariamente verdade. Isto pois, sob o prisma do modelo linear de Gauss-Markov, todo delineamento em blocos (completos ou incompletos, balanceado ou não, com uma ou mais classes de associados e até, aumentado ou não), na realidade, pode ser analisado a partir do mesmo sistema de equações, conhecido na literatura correlata por *sistema de equações normais reduzidas* ($\mathbf{C}\tau = \mathbf{Q}$). Os desdobramentos dele advindos, como a obtenção de somas de quadrados, de estimadores de contrastes, da variância desses estimadores, etc., não são mais do que aplicação das

teorias de análise de variância (R.A. Fisher, década de vinte) e de estimabilidade de funções lineares (C.R. Rao, década de quarenta).

A defesa de uma abordagem generalizada, entretanto, não é uma unanimidade entre os que trabalham com o assunto. Barbosa (1986) coloca que o maior problema na estimativa dos efeitos de tratamentos ajustados, num *PBIB*, está em apresentar regras gerais que facilitem a análise. Segundo o autor, quando o número de tratamentos é elevado a inversão da matriz C só é viável por meio de computadores potentes. Além disso, esta abordagem não fornece fórmulas de uso prático que possibilitem uma familiarização da análise pelo pesquisador. Vale, contudo, observar que os aspectos computacionais levantados pelo autor não mais representam limitações nos dias de hoje.

1.2. Aspectos da análise estatística de blocos incompletos

A literatura clássica menciona que os delineamentos em blocos incompletos permitem dois tipos bem distintos de análise, a *análise intrablocos* e a *análise com recuperação da informação interblocos* (Cochran & Cox, 1957; John, 1971; Pimentel Gomes, 1990; entre outros). Mais recentemente, contudo, um terceiro tipo de abordagem é apresentado. Trata-se das análises que, à semelhança do segundo tipo, recuperam a *informação intertratamentos* (Federer & Wolfinger, 1996; Wolfinger *et al.*, 1997; Federer, 1998). Nesta seção, porém, serão apresentadas apenas as duas primeiras abordagens, reservando a última às discussões sobre modelos mistos com tratamentos aleatórios (itens 3 e 4).

1.2.1. A análise intrablocos

Na análise intrablocos, consideram-se apenas as comparações de observações dentro de cada bloco, na estimação imparcial das diferenças entre tratamentos. Tais estimativas estão sujeitas, portanto, a um erro que depende unicamente das diferenças de fertilidade do solo dentro dos blocos, o erro intrablocos, denotado por σ^2 . Assim, quando o material experimental for muito heterogêneo, uma maneira de melhorar a eficiência das comparações pode ser obtida diminuindo-se o tamanho dos blocos (Rao, 1947).

Vale esclarecer, desde já, que não é correto dizer que a *análise intrablocos* só permite comparações entre tratamentos que apareceram juntos num mesmo bloco, nem que alguma análise adicional seja necessária para comparar tratamentos que foram testados somente em blocos distintos. O fato é que esse tipo de análise não utiliza a informação relativa às diferenças entre tratamentos, presente nos contrastes entre blocos. Esta informação é recuperada no segundo tipo, a

análise com recuperação da informação interblocos, o que permite melhorar a qualidade das estimativas de médias de tratamentos, bem como dos contrastes entre elas. Pode-se dizer, sim, que as comparações entre tratamentos que foram alocados a bloco(s) comum(uns) são mais precisas do que aquelas entre tratamentos que não o foram. Entretanto, isto é válido para os dois tipos de análise e para todos os blocos incompletos não balanceados, a exemplo dos *PBIB*'s, pelo que o analista nada poderá fazer.

A análise estatística intrablocos é obtida admitindo-se o modelo como fixo, ou seja, com todos os efeitos representados por constantes, exceto o erro experimental, uma variável aleatória. E, conforme comentado anteriormente, um delineamento em blocos pode ser analisado a partir do *sistema de equações normais reduzidas* (S.E.N.R), o qual provém do modelo linear geral de Gauss-Markov (Iemma, 1987). Este é dado por: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\theta + \mathbf{e}$, com $E(\mathbf{y}) = \mathbf{X}\theta$ e $Var(\mathbf{y}) = \mathbf{I}\sigma^2$; em que:

- $\mathbf{y}_{(n \times 1)}$: é um vetor com as n observações experimentais (realizações de variáveis aleatórias);
- $\mathbf{X}_{(n \times p)}$: é uma matriz conhecida (matriz do delineamento ou de planejamento), de posto ou *rank*: $r(\mathbf{X}) \leq \min\{n, p\}$, sendo p o número de parâmetros do modelo;
- $\theta_{(p \times 1)}$: é um vetor de parâmetros desconhecidos; e
- $\mathbf{e}_{(n \times 1)}$: é um vetor de variáveis aleatórias não observáveis, tal que $\mathbf{e} \sim (\phi, \mathbf{I}\sigma^2)$; ou seja, um vetor de média nula (ϕ) e matriz de variâncias-covariâncias $\mathbf{I}\sigma^2$, sendo \mathbf{I} uma matriz identidade de ordem n .

No caso dos delineamentos em blocos o modelo $\mathbf{y} = \mathbf{X}\theta + \mathbf{e}$ pode ser caracterizado por:

$$Y_{ij} = \mu + \beta_j + \tau_i + \varepsilon_{ij}$$

com:

- Y_{ij} : é a observação relativa à variável resposta Y , na unidade experimental que recebeu o tratamento i ($i=1, 2, \dots, v$), no bloco j ($j=1, 2, \dots, b$);
- μ : é um efeito constante comum a todas as observações (sob $\sum_i r_i \tau_i = 0$ e $\sum_j k_j \beta_j = 0$, μ é a média geral das observações);
- β_j : é o efeito fixo do j -ésimo bloco;
- τ_i : é o efeito fixo do i -ésimo tratamento;
- ε_{ij} : é erro experimental aleatório na ij -ésima unidade experimental, suposto independente e com distribuição normal de média zero e variância comum σ^2 .

Dado que o interesse dos pesquisadores centra-se nos tratamentos, os blocos (completos ou incompletos, reunidos ou não em repetições, ou em grupos de repetições, etc.) têm apenas o apelo de restrição na casualização (Iemma, 1987). Assim, o modelo $\mathbf{y} = \mathbf{X}\theta + \mathbf{e}$ pode sofrer partições convenientes tais como: $\mathbf{y} = \mathbf{X}_1\mu + \mathbf{X}_2\beta + \mathbf{X}_3\tau + \mathbf{e}$; em que, o vetor β contém os efeitos de blocos (β_j); τ , os efeitos de tratamentos (τ_i); e, \mathbf{X}_1 , \mathbf{X}_2 e \mathbf{X}_3 são partições da matriz \mathbf{X} , correspondentes à nova partição do vetor paramétrico ($\theta' = [\mu, \beta, \tau]'$).

Usando-se este particionamento, Nigam *et al.* (1989) reescrevem o conjunto das $I+b+v$ equações normais do sistema original, $(\mathbf{X}'\mathbf{X})\theta^0=\mathbf{X}'\mathbf{y}$, numa notação simples e comum na literatura de blocos incompletos:

$$\begin{bmatrix} n & \mathbf{k}' & \mathbf{r}' \\ \mathbf{k} & \mathbf{K} & \mathbf{N}' \\ \mathbf{r} & \mathbf{N} & \mathbf{R} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mu^0 \\ \beta^0 \\ \tau^0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G \\ \mathbf{B} \\ \mathbf{T} \end{bmatrix}, \text{ ou ainda: } \begin{bmatrix} \mathbf{R} & \mathbf{r} & \mathbf{N} \\ \mathbf{r}' & n & \mathbf{k}' \\ \mathbf{N}' & \mathbf{k} & \mathbf{K} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \tau^0 \\ \mu^0 \\ \beta^0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{T} \\ G \\ \mathbf{B} \end{bmatrix}.$$

em que: n , $\mathbf{k}'_{(I \times b)}$ e $\mathbf{r}'_{(I \times v)}$ correspondem, respectivamente, ao número total de observações e aos vetores de tamanhos de blocos e de números de repetições dos tratamentos; \mathbf{K} , \mathbf{R} e \mathbf{N} são matrizes simples tal que, $\mathbf{K}_{(b)} = \text{diag}(k_1, k_2, \dots, k_b)$; $\mathbf{R}_{(v)} = \text{diag}(r_1, r_2, \dots, r_v)$ e $\mathbf{N}_{(v \times b)} = (n_{ij})$ é a matriz do plano experimental já definida anteriormente, conforme as frequências de incidência dos tratamentos nos blocos. O lado direito do sistema de equações traz o total geral das observações ($G=Y..$) e os vetores de totais de blocos, $\mathbf{B}' = [B_1, B_2, \dots, B_b]$, e de tratamentos, $\mathbf{T}' = [T_1, T_2, \dots, T_v]$.

Dessa forma, o S.E.N.R, para efeitos ajustados de tratamentos, é apresentado como: $\mathbf{C}\tau^0=\mathbf{Q}$; sendo: $\mathbf{C}_{(v)}=\mathbf{R}-\mathbf{N}\mathbf{K}^{-1}\mathbf{N}'$ e $\mathbf{Q}_{(v \times I)}=\mathbf{T}-\mathbf{N}\mathbf{K}^{-1}\mathbf{B}$. Uma solução para o sistema, indeterminado pois $r(\mathbf{C})<v$, é dada por: $\tau^0=\mathbf{C}^+\mathbf{Q}$, onde \mathbf{C}^+ é a inversa generalizada de Moore-Penrose da matriz \mathbf{C} (Nigam *et al.*, 1989). Ademais, pelo *teorema de Gauss-Markov*, uma função paramétrica estimável $\mathbf{l}'\boldsymbol{\tau}$, com: $\mathbf{l}'=[l_1 \ l_2 \ \dots \ l_v]$, como por exemplo um contraste entre médias de tratamentos, tem seu BLUE (*best linear unbiased estimator*) dado por: $\widehat{\mathbf{l}'\boldsymbol{\tau}} = \mathbf{l}'\tau^0$, com variância: $\text{Var}[\widehat{\mathbf{l}'\boldsymbol{\tau}}] = \mathbf{l}'\mathbf{C}^+\mathbf{l} \sigma^2$. Observa-se, portanto, que o uso do S.E.N.R propicia uma redução considerável na dimensão da matriz do sistema; pois, enquanto $\mathbf{X}'\mathbf{X}$, do sistema de equações normais original, é de ordem $I+b+v$, \mathbf{C} tem apenas dimensão v . Isto simplifica sobremaneira a solução do sistema, a estimação e, conseqüentemente, os testes estatísticos relacionados aos tratamentos (Iemma, 1987).

As somas de quadrados que determinam a análise de variância são dadas diretamente pelas seguintes expressões:

$$\begin{aligned} SQ_{\text{TOTAL}} &= \mathbf{y}'\mathbf{y} - G^2/n, \text{ com } n-1 \text{ graus de liberdade;} \\ SQ_{\text{Modelo}} &= \mathbf{y}'\mathbf{P}\mathbf{y}, \text{ com } \mathbf{P} = \mathbf{X}\mathbf{X}^+ \text{ e } r(\mathbf{X}) \text{ graus de liberdade;} \\ SQ_{\text{Resíduo}} &= \mathbf{y}'(\mathbf{I}-\mathbf{P})\mathbf{y}, \text{ com } n-r(\mathbf{X}) \text{ graus de liberdade;} \\ SQ_{\text{Blocos (n\~{a}o ajust.)}} &= (\sum_j B_j^2 / k_j) - G^2/n, \text{ com } b-1 \text{ graus de liberdade;} \text{ e} \\ SQ_{\text{Tratamentos (ajust.)}} &= \boldsymbol{\tau}'\mathbf{Q}, \text{ com } v-1 \text{ graus de liberdade.} \end{aligned}$$

Havendo interesse em testar alguma hipótese específica ($H_0: \mathbf{L}'\boldsymbol{\tau} = \mathbf{a}$, com \mathbf{L}' de posto linha completo), como por exemplo um contraste entre médias de tratamentos, pode-se fazê-lo utilizando a chamada estatística de Wald (Iemma, 1987; Searle, 1971):

$$SQ_{H_0} = (\mathbf{L}'\boldsymbol{\tau}^0 - \mathbf{a})' [\mathbf{L}'\mathbf{C}^+ \mathbf{L}]^{-1} (\mathbf{L}'\boldsymbol{\tau}^0 - \mathbf{a}), \text{ com tantos graus de liberdade, quantas forem as linhas da matriz } \mathbf{L}'.$$

Um caminho alternativo que facilita, inclusive, a obtenção das médias ajustadas de tratamentos, é substituir a matriz \mathbf{C} , singular, por uma versão não singular, denotada $\boldsymbol{\Omega}^{-1}$, tal que: $\boldsymbol{\Omega}^{-1} \boldsymbol{\tau}^0 = \mathbf{Q}$. Logo, $\boldsymbol{\Omega}^{-1} = \mathbf{C} + \mathbf{A}$, sendo \mathbf{A} uma matriz que resulta em: $\mathbf{A}\boldsymbol{\tau}^0 = \boldsymbol{\phi}$. Para delineamentos em que todos os contrastes de médias de tratamentos são estimáveis (delineamentos conexos), John (1980) sugere, para o caso desbalanceado: $\boldsymbol{\Omega}^{-1} = \mathbf{C} + \mathbf{r} \mathbf{r}'/n \Rightarrow \hat{\boldsymbol{\tau}} = \boldsymbol{\Omega} \mathbf{Q}$. O vetor de médias ajustadas de tratamentos ($\bar{\mathbf{y}}$) é, então, obtido por: $\bar{\mathbf{y}} = m\mathbf{1} + \hat{\boldsymbol{\tau}}$, com: $m = G/n$ (estimativa da média geral) e $\mathbf{1}$ sendo um vetor $\nu \times 1$ de elementos unitários (Nigam *et al.*, 1989). Ademais, a dispersão das estimativas dos efeitos de tratamentos é avaliada por $\boldsymbol{\Omega}\sigma^2$, de forma que, se $\mathbf{l}'\boldsymbol{\tau}$ é uma função paramétrica estimável, sua estimativa ($\mathbf{l}'\hat{\boldsymbol{\tau}}$) tem erro padrão igual a $[(\mathbf{l}'\boldsymbol{\Omega}\mathbf{l})\sigma^2]^{1/2}$.

Um aspecto importante na análise intrablocos é que a estimabilidade de certas funções paramétricas, para um conjunto modelo-dados, pode sofrer sérios transtornos decorrentes do chamado *problema de desconexão* (Iemma, 1995). Este caracteriza-se pela separação de dois ou mais grupos independentes de equações normais advindos de um mesmo conjunto de dados. A consequência disso é que o conjunto original (desconexo) não pode ser analisado como um todo, ou seja, a análise só pode ser feita através de seus subconjuntos, os quais possuem análises independentes entre si. Em geral, funções que envolvem parâmetros relacionados a dois ou mais subconjuntos (desconexos entre si) não são estimáveis, enquanto funções que envolvem parâmetros de um único subconjunto o são (Searle, 1971). Assim, segundo Nigam *et al.* (1989), um delineamento é conexo se todos os contrastes elementares¹ forem estimáveis através dele, o que garante estimabilidade às diferenças em pares de médias de tratamentos.

A idéia da conexão num delineamento, segundo John (1971), é atribuída a Bose (1947). Desde então, várias regras práticas têm sido propostas para avaliar esta propriedade (Searle, 1971; Raghavarao, 1971, citado por Barbosa, 1986; Nigam *et al.*, 1989; Milliken & Johnson, 1992). A regra de Bose define que um bloco e um tratamento são ditos associados se o tratamento ocorrer no bloco. Dois tratamentos, A e B, são considerados conectados se for possível formar uma cadeia de tratamentos e blocos (*trat-bloco-trat-...-bloco-trat*), começando com A e terminando com B, tal que cada bloco esteja associado a ambos os tratamentos a ele adjacentes, na cadeia. Um delineamento

^{1/} Uma função paramétrica $\mathbf{l}'\boldsymbol{\tau}$ é um contraste se: $\mathbf{l}'\mathbf{1} = 0$ (sendo $\mathbf{1}$ um vetor de uns). Se \mathbf{l} é da forma que existam apenas dois elementos não nulos, l e $-l$, então, $\mathbf{l}'\boldsymbol{\tau}$ é chamado um contraste elementar.

(ou conjunto de dados) é dito ser conexo se cada par de tratamentos estiver conectado. Considere-se, para fins de ilustração, o planejamento a seguir com quatro blocos (I, II, III e IV) e sete tratamentos (A,B,C,D,E,F,G), apresentado por John (1971):

I - ABCD ; II - BCE ; III - DE ; IV - EFG .

Os tratamentos A e G, por exemplo, estão conectados pela cadeia: A-I-B-II-E-IV-G. Por conseguinte, denotando-se os efeitos de A,B,...,G por $\tau_1, \tau_2, \dots, \tau_7$, respectivamente, é fácil provar que $\tau_1 - \tau_7$ é estimável. Seja, então, um contraste das observações na referida cadeia: $z = Y_{11} - Y_{21} + Y_{22} - Y_{52} + Y_{54} - Y_{74}$ (uma combinação linear $\mathbf{a}'\mathbf{y}$), cuja esperança matemática, no modelo de blocos, é dada por: $E(z) = \mu + \tau_1 + \beta_1 - \mu - \tau_2 - \beta_1 + \mu + \tau_2 + \beta_2 - \mu - \tau_5 - \beta_2 + \mu + \tau_5 + \beta_4 - \mu - \tau_7 - \beta_4 = \tau_1 - \tau_7$. Logo, o contraste $\tau_1 - \tau_7$ é estimável; pois, por definição (Rao, 1945, citado por Iemma, 1987), uma função linear paramétrica, $l'\boldsymbol{\tau}$, é dita estimável no modelo de Gauss-Markov se, e somente se, existe ao menos uma combinação linear das observações ($\mathbf{a}'\mathbf{y}$) tal que: $E(\mathbf{a}'\mathbf{y}) = l'\boldsymbol{\tau}$, o que se verifica através de z .

O fato de um tratamento estar conectado somente a alguns dos outros tratamentos (não a todos) determina, segundo John (1971), a formação de classes disjuntas de equivalência para os tratamentos. Assim, um delineamento é dito conexo se houver uma única classe de equivalência, isto é, se todo par de tratamentos estiver conectado. Isto é exatamente o que ocorre com o delineamento considerado anteriormente. Contudo, o planejamento a seguir, com $v=b=6$, do qual se formam duas classes de equivalência (dois delineamentos com nenhum tratamento em comum), é desconexo:

$\frac{AB; AC; BC;}{(classe 1)}$ $\frac{DE; DF; EF.}{(classe 2)}$

Milliken & Johnson (1992) ilustram o problema da conexão, numa estrutura de tratamentos com dois fatores sem interação (semelhante ao modelo de blocos), através de um exemplo numa tabela de dupla entrada (ex: 4 tratamentos x 5 blocos):

	B1	B2	B3	B4	B5
Tr.1	x				x
Tr.2		x			x
Tr.3			x		x
Tr.4				x	x

Conjunto conexo

	B1	B2	B3	B4	B5
Tr.1	x		x		x
Tr.2		x		x	
Tr.3	x		x		x
Tr.4		x		x	

Conjunto desconexo

Algebricamente, Nigam *et al.* (1989) demonstram que uma condição necessária e suficiente para um delineamento em blocos ser conexo é que o posto de sua matriz \mathbf{C} , no S.E.N.R, seja $v-1$.

Logo, como comenta Barbosa (1986), torna-se evidente que todo *BIB* é conexo, assim como os *PBIB*'s, mesmo sujeitos a um certo desbalanceamento (planejado).

Pelas ilustrações anteriores não é difícil perceber que a perda de parcelas num experimento pode ocasionar problemas de desconexão (Iemma, 1995). Evidentemente, o bloco em que ocorre a parcela perdida é determinante no surgimento do problema. Isto justifica a resistência de certos autores em lidar com estimação de parcelas perdidas, haja vista a possibilidade de tornar um conjunto desconexo de dados, num conjunto conexo, possibilitando uma análise estatística dantes (à estimação da parcela perdida) impossível. Portanto, uma atenção especial às desconexões deve ser reservada a experimentos cujo desbalanceamento resulte de limitações de material e/ou da perda de parcelas, como é freqüente nos delineamentos aumentados.

1.2.2. A análise com recuperação da informação interblocos

Como salienta Iemma (1987), quando os blocos não são completos, os contrastes entre eles contêm uma certa dose de informação sobre tratamentos, que não é considerada na análise intrablocos. Considere-se o exemplo de Abreu (1985) de um ensaio em *BIB*, com parâmetros $v=4$ (A, B, C, D), $r=3$, $\lambda=1$, $k=2$ e $b=6$:

bloco 1: $A B$	bloco 3: $A D$	bloco 5: $B D$
bloco 2: $A C$	bloco 4: $B C$	bloco 6: $C D$

Observa-se, por exemplo, que o contraste $B_1 - B_2$ (diferença entre os totais dos blocos 1 e 2) pode fornecer informação a respeito do contraste $\tau_B - \tau_C$.

Em princípio, convém ressaltar que no delineamento de blocos completos não há esse tipo de informação, pois, contrastes entre blocos revelam somente efeitos de blocos e/ou do acaso (Abreu, 1985). Contudo, nos blocos incompletos, um novo sistema de equações pode ser construído utilizando-se somente os totais de blocos. Assim, sob determinadas circunstâncias, um segundo conjunto de estimativas relacionadas aos efeitos de tratamentos, chamadas *estimativas interblocos*, pode ser obtido (John, 1971; Zelen, 1957). Isto resulta em $b-1$ comparações entre médias de blocos, independentes das $b(k-1)$ comparações intrablocos (assumindo blocos de tamanhos iguais) e sujeitas a um erro que depende não só de diferenças intrablocos, mas também de diferenças interblocos: $\sigma^{2'} = \sigma^2 + k \sigma_b^2$ (σ^2 é a variância residual intrablocos, σ_b^2 é a variância de blocos e k o tamanho dos blocos). Segundo Rao (1947), as melhores estimativas das comparações de tratamentos resultam exatamente da combinação dos dois sistemas de equações, *intra* e *interblocos*, os quais estão sujeitos a dois erros diferentes, σ^2 e $\sigma^{2'}$, respectivamente. Ademais, verificou-se que tal combinação pode ser obtida assumindo-se os efeitos de blocos como aleatórios, o que geralmente é

possível (Pimentel Gomes, 1990). A este conjunto de procedimentos denomina-se *análise com recuperação de informação interblocos*, o que, em síntese, vem a ser uma análise estatística baseada num modelo linear misto.

A proposta original dessa abordagem é creditada a Yates (1939; 1940), aplicando-a aos reticulados cúbicos e *BIB*'s, respectivamente. Mais tarde, Nair (1944) estendeu o método aos *PBIB*'s e Rao (1947) generalizou-o para quaisquer tipos de blocos incompletos. O procedimento original envolve dois parâmetros, w e w' , que são os pesos atribuídos às estimativas intra e interblocos, respectivamente, no novo sistema de equações normais combinado. Tais parâmetros são dados por: $w=1/\sigma^2$ e $w'=1/\sigma'^2$. Posto que essas variâncias são geralmente desconhecidas, pode-se estimá-las igualando-se os quadrados médios do *Erro intrablocos* e de *Blocos (eliminando o efeito de tratamentos)*, aos seus respectivos valores esperados. Rao (1947) apresenta o esquema de análise de variância de um delineamento geral em blocos, que permite estimar os componentes de variância de interesse (Tabela 1.1).

Tabela 1.1. Análise de variância de um delineamento geral em blocos, com v tratamentos e b blocos de tamanhos iguais a k , com $k < v$.

FV	GL	SQ	SQ	GL	FV
Blocos n.ajust. (ignorando trats.)	$b-1$	U_1	$--S_2$	$b-1$	Blocos ajust. (eliminando trats.)
Tratamentos ajust. (eliminando blocos)	$v-1$	$\tau^{0'}Q$	U_3	$v-1$	Tratamentos n.ajust. (ignorando blocos)
Erro Intrablocos	$--$	$--S_1$	$\rightarrow S_1$	$--$	Erro Intrablocos
Total	$n-1$	U_2	$\rightarrow U_2$	$n-1$	Total

Nota: As expressões U_1 , U_2 e U_3 são calculadas da maneira usual; $\tau^{0'}Q$ representa a $SQ_{\text{Trat (ajust.)}}$ da análise intrablocos; as indicadas por "--" são obtidas por subtração; e " \rightarrow " indica que os valores são passados como tal do lado esquerdo para o direito da tabela.

Os valores esperados das somas de quadrados de interesse são:

$$E(S_1) = (n - b - v + 1) \sigma^2 ; e$$

$$E(S_2) = (b - 1) \sigma^2 + (n - v) \sigma_b^2.$$

Do que decorre:

$$\hat{\sigma}^2 = QM_{\text{Erro (intra)}} ; e$$

$$\hat{\sigma}_b^2 = [QM_{\text{Blocos (ajust.)}} - QM_{\text{Erro (intra)}}] (b - 1) / (n - v).$$

E, conseqüentemente, obtém-se as estimativas de w e w' por:

$$\hat{w} = 1 / \hat{\sigma}^2 = 1 / [QM_{\text{Erro (intra)}}] ; e$$

$$\hat{w}' = 1 / \hat{\sigma}'^2 = (n - v) / [k(b - 1) QM_{\text{Blocos (ajust.)}} - (v - k) QM_{\text{Erro (intra)}}].$$

Uma vez definidos os pesos \mathbf{w} e \mathbf{w}' , as equações normais reduzidas do sistema combinado (com recuperação da informação interblocos), podem ser expressas matricialmente da seguinte forma (Malheiros, 1982):

$$(\mathbf{w}\mathbf{C} + \mathbf{w}'\mathbf{C}_1)\boldsymbol{\tau}^* = \mathbf{w}\mathbf{Q} + \mathbf{w}'\mathbf{Q}_1$$

em que: \mathbf{C} e \mathbf{Q} já foram definidas para a análise intrablocos ($\mathbf{C}\boldsymbol{\tau}^0 = \mathbf{Q}$); \mathbf{C}_1 e \mathbf{Q}_1 são as correspondentes matrizes da análise interblocos ($\mathbf{C}_1\boldsymbol{\tau}_1^0 = \mathbf{Q}_1$); e $\boldsymbol{\tau}^*$ é o vetor de soluções ou “estimativas” combinadas dos efeitos de tratamentos.

Fazendo-se: $\boldsymbol{\rho} = \mathbf{w} / \mathbf{w}'$, o sistema pode ser escrito de maneira mais simplificada (Roy & Shah, 1962, citado por Malheiros, 1982):

$$[\mathbf{C} + (1/\boldsymbol{\rho})\mathbf{C}_1]\boldsymbol{\tau}^* = \mathbf{Q} + (1/\boldsymbol{\rho})\mathbf{Q}_1 \Leftrightarrow \{\mathbf{C} + [\sigma^2/(\sigma^2 + k\sigma_b^2)]\mathbf{C}_1\}\boldsymbol{\tau}^* = \mathbf{Q} + [\sigma^2/(\sigma^2 + k\sigma_b^2)]\mathbf{Q}_1$$

Teoricamente, espera-se $\boldsymbol{\rho} > 1$, entretanto, sendo $\boldsymbol{\rho}$ geralmente desconhecido, é comum usar-se a sua estimativa, $\mathbf{r} = \hat{\mathbf{w}} / \hat{\mathbf{w}}'$, de forma truncada, ou seja, para $\mathbf{r} < 1$ faz-se: $\mathbf{r} = 1$. Malheiros (1982) comenta ainda que, como \mathbf{r} não é um estimador imparcial de $\boldsymbol{\rho}$, recomenda-se a seguinte correção:

$$\mathbf{r}^* = \mathbf{r} [1 - 2/\text{GL}_{\text{Erro}(\text{intra})}] - [2(v-k) / (n-v) \text{GL}_{\text{Erro}(\text{intra})}]$$

Existe uma série de outras propostas para estimar o parâmetro $\boldsymbol{\rho}$, indicadas para situações específicas. O trabalho de Malheiros (1982) descreve algumas delas. Pimentel Gomes & Garcia (1991) referem-se ainda aos métodos de Cochran & Cox e de Bose, com aplicação aos delineamentos em *lattices*. Pimentel Gomes (1990) faz uso do parâmetro $\mathbf{a} = \mathbf{w}'/\mathbf{w}$, ao invés de $\boldsymbol{\rho}$, para reescrever o sistema de equações normais para estimativas combinadas, o que resulta, logicamente, no mesmo sistema e, portanto, nas mesmas soluções:

$$(\mathbf{C} + \mathbf{a}\mathbf{C}_1)\boldsymbol{\tau}^* = \mathbf{Q} + \mathbf{a}\mathbf{Q}_1$$

Como: $0 \leq \mathbf{a} \leq 1$, o autor considera, na realidade, sua estimativa truncada, \mathbf{a}^* , prevenindo-se contra ocorrências de $\hat{\mathbf{a}}$ fora deste intervalo, ou seja:

$$\mathbf{a}^* = \begin{cases} 0, & \text{se } \hat{\mathbf{a}} < 0; \\ \hat{\mathbf{a}}, & \text{se } 0 \leq \hat{\mathbf{a}} \leq 1; \text{ e} \\ 1, & \text{se } \hat{\mathbf{a}} > 1. \end{cases}$$

Utilizando-se qualquer um dos parâmetros ($\boldsymbol{\rho}$ ou \mathbf{a}), a soma de quadrados para efeitos ajustados de tratamentos, após a recuperação da informação interblocos, é dada pela expressão: $SQ_{\text{Trat}(\text{ajust.})}^* = \boldsymbol{\tau}^{*\prime}\mathbf{Q}^*$; sendo \mathbf{Q}^* o lado direito das equações normais combinadas. Por último, obtém-se, aproximadamente (Pimentel Gomes, 1990): $F = [SQ_{\text{Trat}(\text{ajust.})}^* / (v-1)] / \text{QM}_{\text{Erro}(\text{intra})}$, com $(v-1)$ e $(n-b-v+1)$ graus de liberdade.

Do sistema de equações normais combinado observa-se que, a contribuição da informação interblocos aumenta quando $\rho \rightarrow 1$ (pela esquerda) e, igualmente, quando $\mathbf{a} \rightarrow 1$ (pela direita). Situação esta em que σ_b^2 é baixo em relação a σ^2 , seja por pequena variabilidade entre blocos, seja por erro intrablocos elevado ($\sigma^2 \gg \sigma_b^2$), notadamente sob pequeno tamanho de blocos (k). Segundo Malheiros (1982), quando $\mathbf{r} < 2$, normalmente, tem-se: $V(\boldsymbol{\tau}^*) \leq V(\boldsymbol{\tau}^0)$. Isto porque, na prática, a estimativa \mathbf{r} dificilmente assumirá valores tão baixos quanto a unidade. Abreu (1985), estudando a distribuição das estimativas do parâmetro \mathbf{a} , concluiu que, na maioria das vezes, os valores ocorrem entre 0 e 0,5, o que corresponde a um \mathbf{r} mínimo igual a 2. E, quando o número de parcelas aumenta, bem como a relação σ_b^2/σ^2 , a tendência é que as estimativas de \mathbf{a} se concentrem ainda mais próximas de zero, algo entre 0 e 0,25 (equivalente a um \mathbf{r} mínimo igual a 4).

Por outro lado, à medida que ρ cresce (e \mathbf{a} decresce), a contribuição da informação interblocos diminui. Valores de ρ elevados correspondem às situações em que o erro intrablocos é baixo e/ou σ_b^2 é alto (ensaios em que as diferenças entre blocos são predominantemente de natureza ambiental e não devida à informação de tratamentos), associado a blocos grandes e homogêneos. E, nestes casos, o sistema combinado tende para o da análise intrablocos. Portanto, ao contrário do que o senso comum pode sugerir, quando o efeito de blocos for pronunciado, a análise intrablocos, por si só, já será suficiente para proporcionar um bom ajustamento às médias de tratamentos e garantir eficiência à análise.

Em síntese, como informam Kempton *et al.* (1994), a perda de informação, neste tipo de análise, depende da relação entre as variâncias de bloco e residual ($\gamma = \sigma_b^2/\sigma^2$). Assim, quando a blocagem tiver sido efetiva e γ for alto, a análise intrablocos tem alta eficiência e pouco se perde ao ignorar a informação de tratamentos presente nos contrastes de blocos. Contudo, se γ for pequeno, o delineamento mostra-se pouco efetivo, tornando-se essencial recuperar tal informação. A ponto de, no limite ($\gamma = 0$), os pesos das estimativas intra e interblocos se igualarem.

Kempton *et al.* (1994) demonstraram ainda a perda de 1/4 da informação de tratamentos, com o uso da análise intrablocos (blocos de efeitos fixos), num *lattice* quadrado 7x7, quando $\gamma \rightarrow 0$. Isto resultou também em 1/3 de aumento na variância média de estimativas de diferenças de tratamentos, quando comparada à da análise de blocos completos. Ao contrário, quando utilizaram informações interblocos, alcançaram uma redução média superior a 10% nesta variância. Logo, a recuperação da informação interblocos realmente ganha relevância quando a razão γ for baixa (quando $\rho \rightarrow 1$).

Nos experimentos de melhoramento genético, a escolha de blocos, muitas vezes, representa mais uma medida de precaução do que uma estratificação criteriosa das unidades experimentais. Dessa forma, em muitos ensaios, existe uma grande chance de os blocos terem sido mal escolhidos e, por conseguinte, não serem efetivos no controle da variação local. Neste sentido, espera-se que numa boa parte desses ensaios, a recuperação da informação interblocos venha trazer benefícios efetivos à análise estatística dos dados.

O procedimento de Yates (1939), generalizado por Rao (1947), estima os componentes de variância através do método da análise de variância, não se prestando adequadamente a conjuntos desbalanceados de dados. Contudo, a estimação por máxima verossimilhança (*ML – maximum likelihood*), atualmente preferida nestes casos, só foi formalizada mais tarde (Hartley & Rao, 1967). Poucos anos depois, Patterson & Thompson (1971) propuseram um método para combinar as análises intra e interblocos, através do que chamaram *máxima verossimilhança modificada* (mais tarde *REML – restricted maximum likelihood*), incluindo situações em que os blocos não são necessariamente de mesmo tamanho. Dada a característica de certos estimadores *ML* serem dependentes dos próprios parâmetros (funções não explícitas), esta análise é feita por um processo iterativo, no qual se atribui um valor inicial à relação γ , denominado $\hat{\gamma}_0$. Estimativas de σ^2 e σ_b^2 são obtidas a cada passo, resultando numa nova relação $\hat{\gamma}$ ($\hat{\gamma}_0$ de etapas seguintes). O processo é repetido até que um determinado critério de convergência seja satisfeito.

Considerando-se um delineamento de blocos incompletos com v tratamentos e n unidades experimentais, arranjadas em b blocos de tamanhos possivelmente desiguais, Patterson & Thompson (1971) definiram o seguinte modelo: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\alpha} + \boldsymbol{\varepsilon}$, em que: \mathbf{y} é o vetor de observações $n \times 1$; \mathbf{X} é uma matriz $n \times v$ de posto v , determinada pela alocação dos tratamentos às parcelas; $\boldsymbol{\alpha}$ é o vetor de parâmetros de tratamentos (médias); e $\boldsymbol{\varepsilon}$ é uma variável aleatória com distribuição normal, média zero e variância dada por: $\mathbf{V} = \mathbf{H}\sigma^2$, com: $\mathbf{H} = \mathbf{Z}\boldsymbol{\Gamma}\mathbf{Z}' + \mathbf{I}_{(n)}$ (onde $\mathbf{I}_{(n)}$ é uma matriz identidade de ordem n). Ademais, $\boldsymbol{\Gamma} = \gamma\mathbf{I}_{(b)}$ e \mathbf{Z} é uma matriz $n \times b$ com elementos z_{ij} iguais a 1, se a parcela i estiver no bloco j ($i=1,2,\dots, n; j=1,2,\dots,b$), e iguais a 0 em caso contrário. O problema estatístico consiste, portanto, em estimar σ^2 , γ e $\boldsymbol{\alpha}$, haja vista que a variância de blocos é dada por: $\sigma_b^2 = \gamma\sigma^2$. Assim, é possível obter estimativas, a cada passo da iteração, por:

$$\begin{cases} \hat{\sigma}^2 = \hat{f}^{12}B + \hat{f}^{22}R ; \text{ e} \\ \hat{\gamma} = \hat{\gamma}_0 + (\hat{f}^{11}B + \hat{f}^{12}R) / \hat{\sigma}^2 \Rightarrow \hat{\Gamma} = \hat{\gamma} \mathbf{I}_{(b)} \text{ e } \hat{\mathbf{H}} = \mathbf{Z}\hat{\Gamma}\mathbf{Z}' + \mathbf{I}_{(n)} \end{cases}$$

em que:

$$\hat{f}^{11}, \hat{f}^{12} \text{ e } \hat{f}^{22} \text{ são os elementos da matriz inversa } \mathbf{F}^{-1}, \text{ sendo: } \mathbf{F} = \begin{bmatrix} \hat{f}_{11} & \hat{f}_{12} \\ \hat{f}_{12} & \hat{f}_{22} \end{bmatrix}; \text{ com}$$

$$\hat{f}_{11} = \text{tr}(\mathbf{U}^2) = \text{tr}(\mathbf{U}\mathbf{U}); \hat{f}_{12} = \text{tr}(\mathbf{U}); \text{ e } \hat{f}_{22} = n - v; \text{ sendo:}$$

$$\mathbf{U} = \hat{\Gamma}^{-1} - \hat{\Gamma}^{-1}\mathbf{W}^{-1}\hat{\Gamma}^{-1}; \text{ com: } \mathbf{W} = \mathbf{Z}'\mathbf{S}\mathbf{Z} + \hat{\Gamma}^{-1}; \mathbf{S} = \mathbf{I} - \mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'; \text{ e}$$

$$B = \hat{\beta}'\hat{\beta} / \gamma_0^2; R = \mathbf{y}'\mathbf{S}\mathbf{y} - \mathbf{y}'\mathbf{S}\mathbf{Z}\hat{\beta}; \text{ com: } \hat{\beta} = \mathbf{W}^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{S}\mathbf{y}.$$

$$\text{E, finalmente: } \hat{\alpha} = (\mathbf{X}'\hat{\mathbf{H}}^{-1}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\hat{\mathbf{H}}^{-1}\mathbf{y} = (\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'(\mathbf{y} - \mathbf{Z}\hat{\beta}).$$

Em decorrência da adoção do modelo de médias de caselas ($\alpha = \mu + \tau$, em relação ao modelo da análise intrablocos), o vetor de estimativas combinadas ($\hat{\alpha}$), neste caso perfeitamente estimável, fornece diretamente as médias ajustadas dos tratamentos após a recuperação da informação interblocos. Logicamente, apenas as estimativas finais, obtidas após a convergência do processo iterativo, são de interesse prático. É notório que a expressão de $\hat{\alpha}$ corresponde à conhecida solução ou estimativa de *quadrados mínimos generalizados* para o vetor paramétrico de efeitos fixos, tendo, portanto: $\text{Var}(\hat{\alpha}) = (\mathbf{X}'\hat{\mathbf{H}}^{-1}\mathbf{X})^{-1}\sigma^2$.

Independentemente do método de estimação, um problema da análise com recuperação da informação interblocos é que os testes de significância (F e de comparações múltiplas) não são exatos. Ou seja, seus resultados são apenas aproximados, enquanto numa análise intrablocos são exatos (Pimentel Gomes & Garcia, 1991). Daí, a relevância de identificar os casos em que a referida informação realmente mereça ser aproveitada. Malheiros (1982) procurou fazer esse tipo de reconhecimento, por meio de simulação em computador, para os ensaios em *BIB*. Seus resultados mostraram que, para experimentos não muito pequenos ($GL_{\text{Erro}(\text{intra})} \geq 10$ e $GL_{\text{Blocos}} \geq 9$), a recuperação da informação interblocos aumentou o poder dos testes F e *Tukey*. Por outro lado, concluiu que esta informação não deve ser utilizada, para os mesmos testes, se o ensaio for pequeno.

Cochran & Cox (1957) também sugerem que a incorporação da análise interblocos requer pelo menos *dez* graus de liberdade para blocos. Pimentel Gomes & Garcia (1991), além de ratificar este número, exigem-no também para o resíduo. Barbosa (1986) refere-se ainda a duas outras recomendações de Federer (1955): *i*) se $QM_{\text{Blocos}} < QM_{\text{Resíduo}}$ os dados devem ser analisados como blocos ao acaso (quando possível); e *ii*) se ao QM_{Blocos} estiver associado menos de doze graus de

liberdade, mesmo que $QM_{\text{Blocos}} > QM_{\text{Resíduo}}$, deve-se fazer apenas a análise intrabloco. Enfim, como conclui Pimentel Gomes (1990), embora o uso da informação interblocos permita aproveitar melhor os dados, esta análise baseia-se em métodos estatísticos apenas aproximados, devendo ser usada somente para experimentos com número de graus de liberdade relativamente grande para blocos e para o resíduo.

Vale observar que a sugestão (i), apresentada no parágrafo anterior, relaciona-se exclusivamente a ensaios em que os blocos possam ser agrupados em repetições completas. Mas, ainda assim, isto pode implicar em perda de informação relevante. Nesse sentido, uma recomendação mais geral é fornecida por Graybill (1961): se $QM_{\text{Blocos}} < QM_{\text{Resíduo}}$ (situações de estimativas negativas de σ_b^2), deve-se tomar $\hat{\sigma}_b^2 = 0$ e, então, fazer $w = w'$. Ou seja, o autor aconselha que, nestes casos, se maximize o aproveitamento da informação relacionada às estimativas interblocos, o que é coerente com os resultados de Malheiros (1982) e Kempton *et al.* (1994).

É oportuno mencionar que, nesse tipo de análise, ao assumir aleatoriedade dos efeitos de blocos, o chamado *problema de desconexão* não mais faz sentido. Littell *et al.* (1996) explicam que esta é uma das vantagens da análise baseada em modelos mistos. Delineamentos desconexos à luz da análise intrablocos, em que procedimentos computacionais (ex: *PROC GLM* do *SAS*) declaram certas comparações de médias de tratamentos como não estimáveis, não mais apresentam inviabilidade analítica. Por isso, Federer (1998) afirma que, ao usar, por exemplo, o *PROC MIXED* do *SAS* é irrelevante se o delineamento é ou não conexo. Como salienta Jiménez & Villa (1995), com o advento da metodologia de modelos mistos, a chamada valoração *BLUP* (*best linear unbiased predictor*) permite obter predições de valores realizados de variáveis aleatórias, os quais são comparáveis entre si mesmo que tenham sido testados em locais e/ou épocas diferentes.

Adverte-se, contudo, que, assumir aleatoriedade *a posteriori* simplesmente para garantir comparabilidade entre tratamentos não é, certamente, uma atitude cientificamente honesta. É necessário que a suposição seja concebida desde o planejamento experimental, de maneira a orientar decisões sobre o número de níveis dos fatores, a escolha dos níveis a serem testados, etc. Em outras palavras, o pesquisador deve estar seguro acerca das suposições assumidas para os efeitos dos fatores incluídos em seus experimentos. Outras recentes opiniões acerca deste tema são apresentadas no item 3 deste capítulo.

2. OS DELINEAMENTOS AUMENTADOS

2.1. Princípios e evolução histórica

Os *BIB's* e *PBIB's*, apesar de serem delineamentos grandemente utilizados, como é o caso dos *lattices*, mostram-se, muitas vezes, inexecutáveis. A pouca flexibilidade quanto aos números de tratamentos e repetições, e a dificuldade de suas análises são, freqüentemente, motivos de reclamações por parte daqueles que os utilizam. Além disso, em muitas situações, os experimentos são apenas provas preliminares, executados para se selecionar alguns tratamentos a serem submetidos a pesquisas posteriores mais acuradas. Nestes casos, não se dispõe, muitas vezes, de material e recursos financeiros para a instalação de experimentos completamente repetidos.

Os *delineamentos aumentados*, propostos por Walter T. Federer em 1955, vieram em resposta a esse tipo de necessidade: planejamentos mais eficientes para situações como a dos experimentos preliminares, cujo propósito básico é a triagem (“screening”, em inglês) de tratamentos promissores para testes futuros mais acurados. Especificamente, como já comentado, Federer buscava solução para o problema de testar um grande número de clones de cana-de-açúcar, sob escassez de material de propagação, nas fases preliminares do programa de melhoramento da estação experimental HSPA (Hawaiian Sugar Planter’s Association), no Hawai, EUA. O autor argumentava que o uso de uma testemunha intercalar a cada três parcelas, por exemplo, não propiciava uma estimativa do erro experimental para fazer as comparações desejadas entre os novos clones.

Em seus primeiros manuscritos Federer chamou-os de “delineamentos de blocos em cadeia”, embora não considerasse o nome muito adequado. Então, de uma consulta a pessoas como O. Kempthorne, W.G. Cochran, J.W. Tukey, entre outras, optou por “delineamentos aumentados” como sendo uma denominação suficientemente descritiva para aquela classe de delineamentos. Federer (1956) ilustrou a análise de três desses delineamentos: *inteiramente ao acaso aumentado*, *blocos completos casualizados aumentados* e *quadrado latino aumentado*, tendo considerado o segundo deles como o mais promissor para os testes clonais em cana-de-açúcar.

O autor sustentava que tais delineamentos teriam ampla aplicação em pesquisas em que a quantidade de material limitasse o uso de repetições (pelo menos para os novos tratamentos sob teste). Apontava, então, a genética experimental como um de seus maiores campos de aplicação, acrescentando que, no caso do referido programa de melhoramento de cana-de-açúcar, o delineamento possibilitaria os seguintes objetivos: *i)* combinar o teste de clones experimentais com variedades recomendadas, dispensando-se as parcelas de testemunhas intercalares (normalmente

com uma só variedade); *ii*) fornecer uma medida do erro experimental para os clones experimentais; e *iii*) possibilitar comparações entre os novos clones, entre as variedades testemunhas e entre os materiais dos dois grupos.

Um *delineamento aumentado* é definido como um delineamento padrão (inteiramente ao acaso, blocos ao acaso, quadrado latino, *lattice*, etc.) que recebe tratamentos adicionais em seus blocos, linhas, colunas ou caselas (Federer, 1956; 1958; 1961a; 1961b; Federer & Raghavarao, 1975). É construído, por exemplo, aumentando-se o número de unidades experimentais dos blocos (completos ou incompletos para os tratamentos padrão), definido pela estrutura do delineamento básico, alocando-se a estas parcelas adicionais, de forma aleatória, os novos tratamentos. Assim, na maioria das situações, os delineamentos aumentados têm dois conjuntos de tratamentos, um denominado *tratamentos comuns* ou simplesmente *testemunhas*, repetidos r vezes, e outro denominado *tratamentos novos* ou *adicionais* (responsáveis pelo aumento dos blocos), que aparecem apenas *uma* vez no experimento. Isto caracteriza o que se passará a chamar, neste texto, de delineamento aumentado clássico.

Caso alguns dos novos tratamentos disponham de material suficiente, por exemplo, sementes em quantidade para duas ou mais parcelas, a recomendação de W. T. Federer é que as façam em blocos diferentes para garantir maior eficiência. Logo, não é correto dizer que num delineamento aumentado os *tratamentos adicionais* tenham, obrigatoriamente, apenas uma repetição (Federer, 1961b). Da mesma forma, o balanceamento para as *testemunhas* também não é necessário, podendo, inclusive, ocorrer em proporções diferentes dentro de cada bloco (Scott & Milliken, 1993; Federer, 1998).

Federer (1961a) tratou dos delineamentos aumentados que adotam um único sistema de controle local (ou de eliminação da heterogeneidade). Ilustra, então, os procedimentos gerais de casualização e análise estatística para *blocos completos casualizados aumentados* e *lattice balanceado aumentado*. Para a casualização do primeiro deles, enumera: *i*) alocam-se, aleatoriamente, as v_r variedades testemunhas (o sub-índice indica o número de repetições do grupo de tratamentos), em cada bloco; *ii*) alocam-se, aleatoriamente, os v_1 tratamentos adicionais às parcelas restantes; e *iii*) se tratamentos adicionais aparecerem mais de uma vez, faz-se o sorteio com a precaução de que nenhum deles ocorra mais de uma vez num bloco até que tenha ocorrido uma vez em cada um dos blocos. Para um bloco incompleto aumentado o procedimento é muito similar: *i*) alocam-se, aleatoriamente, os grupos de *tratamentos originais*² (previamente definidos) aos blocos

²/ Referem-se aos tratamentos distribuídos conforme o arranjo original do delineamento de blocos incompletos (correspondente às testemunhas).

incompletos; e *ii*) atribuem-se, aleatoriamente, os *novos tratamentos* às parcelas restantes, atentando-se também para o item *iii* recomendado anteriormente.

O autor acrescenta que, nestes desenhos experimentais, o tamanho dos blocos não é rígido, o que confere maior facilidade de planejamento e condução. Esta flexibilidade estende-se também para o número dos tratamentos adicionais, de modo que a perda de alguns deles não compromete a análise. Entretanto, Federer (1956) já argumentava que o uso de blocos maiores para testes varietais tende a incrementar o erro padrão da média de certos tratamentos, o que pode ser compensado pelo uso de repetições adicionais de variedades testemunhas, dentro dos blocos. Acrescentava ainda que, embora o tamanho dos blocos possa variar, blocos de tamanhos iguais ou similares são preferíveis. Além disso, alertava que o sucesso de qualquer delineamento experimental em blocos, dependerá sempre da habilidade de o pesquisador construir blocos homogêneos.

Como já mencionado, durante duas décadas após a sua proposição, os delineamentos aumentados passaram por um certo esquecimento. Contudo, nos últimos anos, sua utilização tem crescido significativamente, sobretudo associada a programas de melhoramento genético vegetal. Uma característica marcante das pesquisas mais recentes, utilizando delineamentos aumentados, é a adoção de métodos de ajustamento das observações com base naquelas tomadas em parcelas de testemunhas. Este enfoque está presente em dois tipos de *delineamentos aumentados modificados (MAD)*, propostos por Lin & Poushinsky (1983; 1985): *MAD-1* e *MAD-2*. Tais procedimentos têm atraído pesquisadores que lidam com situações em que, por exemplo, ocorre a expressão irregular de doenças na área experimental (Smithson, 1992; Pastor *et al.*, 1992)³.

As modificações de Lin & Poushinsky (1983; 1985) visam garantir validade ao ajustamento de observações pelas parcelas controle (de testemunhas), quando estas são distribuídas regularmente no campo experimental. Em ambas as propostas, *MAD-1* e *MAD-2*, o desenho é estruturado em *split-plot*, sendo as parcelas constituídas de nove (arranjadas num quadrado 3x3) e cinco subparcelas, respectivamente. As subparcelas centrais recebem, por sorteio, as variedades testemunhas, conforme a especificação do delineamento básico a ser aumentado. Para estimar o erro de subparcelas, um número arbitrário destas unidades experimentais é sorteado, para cada testemunha, recebendo outra repetição da mesma variedade. Às demais subparcelas alocam-se as linhagens experimentais ou tratamentos adicionais. A partir destes arranjos os autores sugerem, então, três métodos de ajustamento, cuja eficiência tem sido comprovada em estudos de simulação e em aplicações (Morejón & Caballero, 1998; May & Kozub, 1995).

³/ In: CAB Abstracts / Agris-FAO, CD-ROM, 1999.

Outros desenvolvimentos, sobretudo no que se refere à análise estatística dos delineamentos aumentados, serão discutidos na próxima seção. Mais adiante, enumera-se alguns resultados de sua aplicação recente em programas de melhoramento genético vegetal, bem como desenvolvimentos correlatos que podem ajudar na busca de soluções para os problemas inerentes desses delineamentos.

2.2. Aspectos da análise estatística

Federer (1956) mostrou que a análise estatística de delineamentos aumentados pode ser feita, inicialmente, conforme o delineamento padrão, excluindo-se as parcelas adicionais. Somente numa segunda etapa, a análise considera, conjuntamente, as testemunhas e os novos tratamentos. Dessa forma, o quadrado médio do *erro* ou *resíduo*, num delineamento aumentado clássico, é obtido analisando-se somente os dados referentes aos tratamentos comuns ou testemunhas. Torna-se necessário, então, o ajustamento das médias dos tratamentos adicionais em função do delineamento básico utilizado e da localização destes tratamentos no experimento, ou seja, dos blocos em que cada um destes tratamentos ocorreram. As testemunhas poderão ou não merecer esse ajuste. Por exemplo, nenhum ajustamento é requerido para as testemunhas num bloco completo casualizado aumentado; entretanto, ele é necessário num *lattice* triplo aumentado.

Um aspecto importante relacionado à análise, para o qual o autor chamava a atenção, desde aquela época, refere-se à questão da distribuição regular das parcelas com variedades testemunhas no campo experimental. Federer (1956) informa que, se as parcelas com estes tratamentos forem espaçadas sistematicamente (ex: de três em três parcelas) e a análise por ele proposta for utilizada, as estimativas das diferenças de médias e da variância do erro experimental serão viesadas.

Federer (1961a) apresenta a análise desses delineamentos segundo os métodos gerais desenvolvidos para delineamentos em blocos incompletos e outras situações não ortogonais. O autor desenvolve e ilustra as análises sem (intrablocos) e com recuperação da informação interblocos, para os casos de *blocos completos casualizados aumentados* e *lattice balanceado aumentado*. Nos trabalhos de Federer & Raghavarao (1975) e Federer *et al.* (1975), os autores seguiram uma abordagem similar, incluindo também alguns *delineamentos aumentados de linhas e colunas*. Nos dois últimos casos, entretanto, limitaram-se à análise intrablocos. Apesar da completude do tratamento estatístico apresentado nestes artigos, as deficiências computacionais da época possivelmente limitaram a sua ampla divulgação e aplicação nos anos sessenta e setenta.

Garza (1972) e Martínez (1987) apresentam procedimentos bastante simplificados para a análise intrabloco, incluindo análise de variância e testes de comparação de médias, no caso de um

delineamento aumentado em blocos completos casualizados. Logo, para casos particulares como este existem protocolos de análise bastante acessíveis aos usuários menos familiarizados com a solução geral para os delineamentos em blocos. Contudo, a grande vantagem do enfoque generalizado reside na possibilidade de analisar conjuntos de dados com qualquer nível de desbalanceamento. Já as proposições analíticas para os delineamentos aumentados clássicos, em geral, limitam-se a conjuntos modelo-dados fixos e balanceados para cada classe de tratamentos.

Atualmente, diante da pronta disponibilidade de recursos computacionais, as limitações inerentes à análise estatística são bem menores. Boyle & Montgomery (1996), à semelhança de Federer (1961a), descrevem claramente o modelo de análise estatística a ser adotado, fornecendo também os comandos básicos para a sua execução através do *SAS*. Os autores comentam que o delineamento aumentado em blocos completos casualizados, na realidade, é um caso especial de *PBIB*. Logo, o modelo linear geral que caracteriza a resposta observada do *i*-ésimo tratamento no *j*-ésimo bloco (Y_{ij}) é: $Y_{ij} = \mu + b_j + \tau_i + \varepsilon_{ij}$ (μ denota a média geral; b_j , o efeito do *j*-ésimo bloco; τ_i , o efeito do *i*-ésimo tratamento; e ε_{ij} , a variação aleatória do *i*-ésimo tratamento no *j*-ésimo bloco). Informam também que erros padrão diferentes são requeridos para comparar dois tratamentos, conforme eles sejam testemunhas ou linhagens experimentais, ou se eles são ou não repetidos dentro ou através dos blocos. Por fim, os autores apresentam os princípios subjacentes à análise intrablocos e à análise com recuperação da informação interblocos, também possíveis nesses delineamentos.

Na análise intrablocos, a resposta observada é descrita matricialmente a partir do seguinte modelo: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \boldsymbol{\varepsilon}$ (\mathbf{y} é o vetor de observações; \mathbf{X} é uma matriz conhecida do planejamento; $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor de efeitos fixos desconhecidos; e, $\boldsymbol{\varepsilon}$ é um vetor aleatório com vetor média $\boldsymbol{\phi}$ e matriz de variâncias-covariâncias $\mathbf{I}\sigma^2$, sendo σ^2 a variância aleatória e \mathbf{I} uma matriz identidade). Em razão do plano experimental e do número desigual de repetições por tratamento, os efeitos de bloco e de tratamento não são ortogonais. Logo, a soma de quadrados e as médias de tratamentos, como noutros desenhos de blocos incompletos, devem ser ajustadas para os efeitos de blocos (Boyle & Montgomery, 1996). Os autores acrescentam que a repetição de um ou mais tratamentos em cada bloco (as testemunhas) é suficiente para assegurar que o delineamento seja conexo. Portanto, todas as médias de tratamentos e contrastes lineares destas médias são estimáveis. Porém, se ocorrerem blocos com perda total das parcelas controle, estes blocos formarão subconjuntos isolados (desconexos entre si), de maneira que não poderão fazer parte de uma mesma análise.

Boyle & Montgomery (1996) comentam que, embora seja possível executar os ajustamentos manualmente, é relativamente fácil fazê-los usando, por exemplo, o procedimento *GLM* do *SAS* e umas poucas linhas de comandos. Neste sentido, informam que a soma de quadrados tipo III, produzida pelo comando *'model'*, fornece o teste *F* correto e o comando *'lsmeans'* produz as médias ajustadas e os respectivos erros padrão associados. Ademais, a opção *'pdiff'* realiza comparações destas médias, baseando-se em diferença mínima significativa ajustada para tamanhos desiguais de amostras. Mas, se apenas algumas comparações forem de interesse, ou mesmo hipóteses como, por exemplo, comparar a média de todas as testemunhas com a média de todas as linhagens experimentais, o uso dos comandos *'contrast'* e *'estimate'* torna-se necessário. Marcos (1994) também apresenta as instruções para a realização desse tipo de análise através do *PROC GLM* do *SAS*.

Na análise com recuperação da informação interblocos, a resposta observada é descrita pelo seguinte modelo (Boyle & Montgomery, 1996): $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\boldsymbol{\gamma} + \boldsymbol{\varepsilon}$; no qual, além dos termos já definidos, \mathbf{Z} é uma matriz de delineamento conhecida e $\boldsymbol{\gamma}$ é um vetor de efeitos aleatórios desconhecidos. A expressão é chamada de *modelo linear misto* porque inclui uma matriz de delineamento para cada conjunto de efeitos, fixos e aleatórios. Neste caso, os autores admitem que é excessivamente trabalhoso ajustar o modelo manualmente, sugerindo o uso do *PROC MIXED* do *SAS*. Com poucas linhas de comandos, o procedimento fornece o teste *F* correto, médias ajustadas com os respectivos erros padrão e comparações de médias, ambos já ajustados para tamanhos desiguais das amostras. Os autores informam que, muitas vezes, a recuperação da informação interblocos não contribui substancialmente para a interpretação dos dados, a menos que o número de blocos seja maior que o número de tratamentos e o número de parcelas por bloco seja igual ou superior a cinco. Mesmo assim, segundo os autores, uma análise baseada num modelo misto, tal como a análise combinada, freqüentemente, representa uma aproximação mais realista da situação experimental do que aquela baseada num modelo fixo.

Scott & Milliken (1993) entenderam que a utilização prática dos delineamentos aumentados passa pela adaptação computacional das fórmulas aparentemente complexas publicadas na literatura. De fato, pesquisadores envolvidos com programas de melhoramento, avaliando um grande número de genótipos por ano, necessitam de procedimentos de análise de fácil manipulação, de modo a viabilizar uma rápida tomada de decisões. Os autores apresentam, então, um programa *SAS* para análise de blocos completos casualizados aumentados. O conjunto de comandos permite obter a análise de variância, os testes de hipóteses associados, bem como as médias ajustadas de

tratamentos, tanto para a análise intrablocos como para a análise com recuperação de informação interblocos.

As instruções computacionais fornecidas por Scott & Milliken (1993), Marcos (1994) e Boyle & Montgomery (1996), embora permitam trabalhar com conjuntos de dados desbalanceados, ainda apresentam uma limitação importante: não admitem a possibilidade de tratamentos aleatórios. Como salienta Federer (1998), em algumas situações, parte ou todo o conjunto dos genótipos avaliados é de natureza aleatória. Nas etapas iniciais do processo de avanço de gerações em autógamias, é razoável admitir, num ensaio em blocos aumentados, que os novos genótipos tenham efeitos aleatórios e as testemunhas, efeitos fixos. Torna-se necessário, portanto, estabelecer modelos e programas computacionais que sejam capazes de incorporar esse tipo de situação e, assim, recuperar também a chamada *informação intergenotípica* ou *intervarietal*.

Wolfinger *et al.* (1997) alertam que, para a classe geral dos delineamentos aumentados, a aplicação dos procedimentos *GLM* e *MIXED* do *SAS* não é tipicamente direta. Informam que, a despeito da possibilidade de declarar certos efeitos como aleatórios (através do comando '*random*'), o *PROC GLM* ainda considera tais efeitos como fixos no ajuste do modelo (incluindo as médias de tratamentos), apesar de fornecer corretamente as esperanças de quadrados médios. Por isso, recomendam que, em delineamentos aumentados, o *PROC MIXED* seja o procedimento escolhido para a maior parte das análises. Suas saídas são mais diretas e, realmente, levam em conta os efeitos aleatórios. Os autores descrevem, então, alguns programas *SAS* de possível interesse para os pesquisadores, mostrando também como recuperar as informações interblocos e intervarietais (admitindo-se como aleatórios os efeitos de blocos e de tratamentos adicionais, respectivamente). Segundo os autores, a recuperação da informação associada aos efeitos aleatórios leva a uma análise mais eficiente dos dados e, por isso, a uma melhor utilização dos recursos experimentais.

Federer (1998) incorpora a essa nova abordagem a informação aleatória de gradientes diferenciados dentro de blocos (recuperação da informação inter-regressões), combinando análise de blocos e análise espacial. O autor demonstra o procedimento estatístico utilizando a abordagem de modelos lineares mistos, o que assegura um ajustamento mais eficiente das médias de tratamentos através dos chamados *EBLUP* (*empirical best linear unbiased predictors*). Um programa *SAS/ PROC MIXED*, para recuperar informações intervarietais e inter-regressões, é fornecido por Wolfinger *et al.* (1997). Federer (1998) apresenta uma aplicação desta rotina computacional, com evidências de mudanças consideráveis no ordenamento das médias ajustadas de cultivares, em relação à análise intrablocos implementada via *PROC GLM*. Detalhes adicionais

sobre a utilização destes procedimentos, com esta finalidade, são também apresentados por Federer & Wolfinger (1998).

2.3. Viabilidade e aplicação no melhoramento de plantas

Antes de enumerar exemplos de aplicações dos delineamentos aumentados, convém analisar algumas justificativas, reportadas na literatura, para a adoção atual desta classe de delineamentos no melhoramento genético de plantas.

Uma abordagem interessante é apresentada por Pinney & Scherr (1991). Os autores partem de que o sucesso e a validação de uma tecnologia (ex: um cultivar) exige cada vez mais a participação dos produtores no processo de avaliação experimental, o que requer delineamentos mais flexíveis. A possibilidade de inclusão de tratamentos adicionais, definidos pelos fazendeiros e testados, por exemplo, em apenas uma fazenda, destrói a propriedade de ortogonalidade, embora seus efeitos também mereçam ser estimados. Argumentam portanto que, com a larga disponibilidade de “pacotes” computacionais estatísticos, o pesquisador pode facilmente, nos dias de hoje, desviar-se das restrições dos delineamentos padrões, ortogonais, de blocos completos e com tratamentos completamente repetidos. Segundo os autores, os delineamentos aumentados minimizam o número de parcelas, permitindo a pesquisadores e produtores responderem às suas questões. Assim, preenche-se uma lacuna metodológica existente entre as observações informais dos fazendeiros (sem qualquer tratamento estatístico) e os ensaios de larga extensão, com simples comparações de tratamentos, conduzidos em um grande número de propriedades rurais.

Boyle & Montgomery (1996) mencionam que, na área do melhoramento de plantas, em que um grande número de variedades deve ser avaliado, mas com limitado suprimento de sementes, o uso dos delineamentos aumentados tem-se mostrado muito efetivo. Segundo os autores, apesar de as comparações entre variedades não serem igualmente precisas e de um possível viés associado à estimativa do erro experimental, a adoção desses planejamentos pode reduzir o tempo e o número de unidades experimentais necessárias ao isolamento das linhagens mais promissoras, as quais passam a fazer parte de um estudo posterior mais aprofundado. Acrescentam que a possibilidade de executar os cálculos requeridos por meio de um “software” como o *SAS*, remove o principal obstáculo para a sua ampla aplicação.

Neste sentido, é importante também reportar trabalhos que avaliaram a eficiência do delineamento enquanto instrumento de seleção de genótipos promissores. Bearzoti (1994) comparou metodologias estatísticas que buscam contornar as limitações de disponibilidade de propágulos (implicando em parcelas pequenas e baixo número de repetições) e elevado número de

tratamentos, próprias dos programas de melhoramento. Assim, testou clones de batata através de dois delineamentos: *lattice* (simples 10x10) e blocos aumentados (duas testemunhas, com duas repetições por bloco, nove tratamentos adicionais não repetidos e dez blocos). Neste delineamento, as testemunhas foram dispostas de três em três parcelas (eqüidistantes). Avaliou ainda as metodologias de médias móveis e de testemunha intercalar, para o ajuste de observações. O autor concluiu que ambos os delineamentos mostraram precisões semelhantes, com vantagens de ordem prática para os blocos aumentados. Constatou que estes demandaram uma área 28% menor, metade da quantidade de batata-semente para os tratamentos adicionais e outras vantagens na instalação e condução do experimento. Entre estas, enumera: uma maior flexibilidade no planejamento (o número de tratamentos não precisa obedecer nenhuma regra, os blocos não necessitam ter o mesmo tamanho); a perda de parcelas não acarreta problemas à análise estatística, possibilitando até seleção contra materiais muito indesejáveis (susceptibilidade excessiva, hábito de crescimento indesejável, ciclo muito tardio, aberrações, etc.); e, economia de outros recursos como adubação, defensivos, mão de obra, etc. Constatou também que os delineamentos classificaram os tratamentos de maneira similar. Mas, as metodologias de médias móveis e de testemunha intercalar não se mostraram eficientes na remoção do efeito ambiental sobre os valores fenotípicos.

Em termos de blocos aumentados, o trabalho de Bearzoti (1994) suscita uma série de pontos passíveis de investigação. Por exemplo, o autor sugere que variâncias genéticas estimadas deste delineamento possivelmente sejam subestimadas na análise intrablocos. Assim, recomenda que se busque o aproveitamento da informação interblocos. Argumenta também uma possível subestimação do erro experimental, pelo fato de ser obtido a partir da interação “tratamentos comuns x blocos”. No sentido de melhorar tal estimativa, informa que a repetição das testemunhas dentro dos blocos confere mais graus de liberdade para o resíduo do que o aumento do número de blocos. Alerta ainda para o cuidado na escolha das testemunhas, as quais devem representar bem a variância residual da população segregante em estudo. Ademais, o autor refere-se à necessidade de abordar a análise conjunta desses ensaios, quando os tratamentos e ambientes não são ortogonais entre si.

Com orientação semelhante, Sahagun & Frey (1991) compararam a eficiência de três delineamentos experimentais para a avaliação de linhagens de aveia: blocos completos casualizados aumentados (*ARCBD*), blocos completos casualizados (*RCBD*), e *lattice* simples (*LD*). Os resultados mostraram que os delineamentos usando ajustamento de dados (*ARCBD* e *LD*) têm, geralmente, eficiência similar a *RCBD* para seleção, com mínimas diferenças entre si. Assim, consideraram todos eles bem sucedidos para fins de seleção. Em outra oportunidade, contudo,

Sahagun (1985) observou que *LD* foi o mais eficiente para controlar a variância do erro e *ARCB*D, o menos eficiente; embora a superioridade do *lattice* não tenha sido grande. Assim concluiu que, escolher entre delineamentos replicados ou não, para fins de seleção em estágios preliminares, é relativamente sem importância.

Rheenen *et al.* (1994) compararam, por simulação, um delineamento aumentado duplicado (*DAD*), consistindo de dois conjuntos de delineamento aumentado (*AD*), com um delineamento em blocos completos casualizados (*RCBD*) e um delineamento em blocos incompletos (*IBD*). Nos *AD*'s, três testemunhas foram dispostas em cada bloco, uma de forma regular e duas aleatoriamente, o que permitiu o ajustamento para os efeitos de blocos. Os resultados mostraram que: *i*) o *IBD* demanda menos entradas e é mais eficiente do que o *DAD*; e *ii*) o uso de *DAD*'s ou *AD* (não repetidos) com testemunhas distribuídas regularmente é questionável, pois não fornece maiores informações do que conjuntos de parcelas sem testemunhas repetidas e pode custar 20% mais do que testemunhas aleatórias. Rheenen *et al.* (1990) também já haviam concluído que *RCBD* seriam preferíveis em relação ao desenho *DAD*, em função de seus coeficientes de variação.

Apesar de alguns resultados contrários, a literatura é rica em trabalhos respaldando o uso dos delineamentos aumentados, especialmente para a avaliação de germoplasma e quando a quantidade de sementes é limitada. Entre estes pode-se citar: Bhardwaj & Bhagsari (1989), em soja; Smithson (1992)³, Pastor *et al.* (1992)³ e Rios (1997), em feijoeiro; Souza (1997), em feijoeiro e eucalipto; Tavares (1998), em cenoura; Shimi (1994)³, em tomateiro; Milligan (1990)³, em cana-de-açúcar; e outros (Van-Den-Belt, 1982; Schalje, 1987; Bos, 1989; Rahman, 1989; Calhoun, 1997; Pattama, 1997)³. Além disso, conforme já comentado, o emprego dos delineamentos aumentados vem crescendo nos últimos vinte anos, com aplicação especial em programas de melhoramento genético de plantas. Na seqüência, apresentam-se informações práticas importantes levantadas em publicações recentes e com esse tipo de aplicação.

Doust *et al.* (1996) avaliaram 924 genótipos de trigo, em blocos aumentados, sem repetições para os tratamentos novos, devido à limitada quantidade de sementes. Os autores fizeram uso de três variedades testemunhas. Por outro lado, Tesema *et al.* (1994) usaram quatro testemunhas para avaliar, em blocos aumentados, o potencial de rendimento de 60 raças locais de cevada. Pecetti *et al.* (1995) avaliaram também uma grande coleção de germoplasma de trigo (*Triticum durum*) através de um *MAD*. Utilizaram apenas um cultivar controle para avaliar o efeito da heterogeneidade do solo e promover o ajustamento das respostas genotípicas.

May & Kozub (1995) relatam a eficiência do ajustamento de respostas por meio de um *MAD-2*, na seleção de linhagens (F_7 a F_9) de cevada. Segundo os autores, o ordenamento dos genótipos desempenha um papel fundamental sempre que o número de linhagens selecionadas para as avaliações futuras for limitado. Isto porque, mesmo não havendo diferenças estatísticas nas respostas das linhagens superiores, apenas as melhor posicionadas deverão ser retidas. Neste sentido, os autores afirmam que o *ranking* após o ajustamento fornece uma melhor estimativa da verdadeira ordenação das linhagens do que aquele obtido sem o ajustamento. Os resultados indicaram que os ensaios em *MAD*, sem repetição, podem ser efetivos sobretudo quando o número de entradas for muito grande e a área experimental heterogênea. Calhoun (1997)³ reporta resultados similares.

Rousselle & Rousselle (1995) também utilizaram com sucesso um delineamento aumentado modificado (*MAD*), na avaliação de clones de batata (seleção baseada em valores ajustados). Da mesma forma, Varela *et al.* (1994) o fizeram adotando três métodos de ajuste para a heterogeneidade do solo. Pereira *et al.* (1994) também reportam seleção eficiente de clones de batata, avaliados em blocos aumentados. Os autores adotaram, como testemunhas, os genitores dos cruzamentos mais sete outros cultivares comerciais, repetidos quatro vezes em blocos completos casualizados.

Outros resultados favoráveis da aplicação dos delineamentos aumentados na seleção de clones de batata são relatados por Momenté (1994) e Barbosa (1996). Uma peculiaridade que faz por merecer uma descrição mais detalhada destes trabalhos é que os novos clones não possuem uma origem única, comum. Ao contrário, estão hierarquicamente relacionados a famílias diferentes, o que é bastante freqüente em programas de melhoramento.

Momenté (1994) utilizou cerca de dez tratamentos adicionais (regulares) e duas testemunhas por bloco, numa avaliação de clones em dois locais. As parcelas tiveram apenas uma linha de cinco plantas. O efeito de clone foi considerado aleatório, desdobrando-o dentro de três tipos de famílias. Barbosa (1996) empregou o delineamento para avaliar 817 clones de batata, provenientes de 42 famílias híbridas (cerca de 20 clones por família). Cada bloco foi constituído de 15 tratamentos adicionais e duas testemunhas, com parcelas também de uma única linha de cinco plantas. Alguns aspectos estatísticos dos dois trabalhos serão comentados na próxima seção (item 2.4).

Em soja, Spehar (1994) mostrou que os delineamentos aumentados são eficientes na identificação de genótipos tolerantes à toxidez de alumínio. As vantagens em relação aos ensaios

completamente repetidos recaíram especialmente sobre o custo efetivo. O autor recomenda testes para a seleção de variedades contrastantes a serem usadas como testemunhas. Assim, espera-se que estas representem melhor o germoplasma, e a correção para os efeitos de blocos seja mais precisa e útil às comparações.

No Programa de Melhoramento de soja da ESALQ/USP, Farias Neto (1995) adotou o delineamento de blocos completos aumentados, com quatro cultivares testemunhas, para avaliar progênies $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ derivadas de 40 cruzamentos (intercruzamentos num esquema de seleção recorrente em autógamias). O autor constatou que o delineamento apresentou coeficientes de variação de magnitude aceitável, semelhantes aos encontrados na literatura para delineamentos tradicionais como blocos ao acaso. Concluiu, então, pela viabilidade do delineamento em programas de melhoramento de soja.

Outras aplicações, no mesmo programa, apontaram em direção similar (Gomes, 1995; Láinez-Mejía, 1996; Azevedo Filho, 1997; Pinheiro, 1998; e Hamawaki, 1998; Azevedo Filho *et al.*, 1998). Embora, segundo Gomes (1995), o delineamento não se mostrou eficiente para a estimação de coeficientes de correlação entre caracteres, com base nos tratamentos adicionais (progênies), alertando para a necessidade de estudos sobre a sua utilização na estimação de parâmetros genéticos. Rios (1997) compartilha desta mesma conclusão. A opinião geral, entretanto, é favorável à adoção do delineamento em programas de melhoramento de soja; sobretudo, para os testes de genótipos nas etapas iniciais, quando muitas linhagens precisam ser avaliadas e a disponibilidade de sementes é baixa. Ademais, o delineamento mostra-se de fácil implementação.

2.4. Desenvolvimentos correlatos

Alguns desenvolvimentos metodológicos serão aqui considerados por sua analogia com os delineamentos aumentados. Um deles trata da análise conjunta de um grupo de experimentos delineados em blocos completos casualizados, mas com apenas alguns tratamentos comuns a todos os experimentos do grupo. Uma outra refere-se à análise para ensaios em *BIB*'s ou *PBIB*'s que tiveram alguns tratamentos comuns adicionados a cada bloco do experimento.

Pimentel Gomes & Guimarães (1958) propuseram o método de análise conjunta de experimentos em blocos completos casualizados, com alguns tratamentos comuns. Neste esquema, os tratamentos regulares (não comuns) são separados em g grupos, cada grupo correspondendo a um experimento. Os tratamentos comuns são, então, alocados a todos os grupos, de forma que os experimentos têm neles o seu elo de ligação. A análise é relativamente fácil, correspondendo àquela de um delineamento em blocos incompletos; ou seja, sendo as estimativas da variância residual não

muito diferentes, a análise é efetuada considerando-se o conjunto dos experimentos como um só ensaio em blocos incompletos. Pimentel Gomes (1970) estendeu o método para números de repetições e tratamentos regulares variáveis de um experimento para outro.

Pimentel Gomes (1990) argumenta que o esquema é de grande flexibilidade e eficiência, muito mais simples, robusto e conveniente do que os reticulados (*lattices*) quadrados e cúbicos, os quais, segundo o autor, deveriam ser abandonados. Com efeito, continua ele: neste tipo de delineamento a perda de tratamentos não traz dificuldade adicional alguma; os grupos de tratamentos regulares não precisam ter o mesmo tamanho (embora blocos de tamanhos similares sejam desejáveis); e a perda de parcelas, que não implique em perda total de um tratamento ou bloco, resolve-se facilmente (ao contrário dos reticulados – quadrados, cúbicos ou retangulares – que são totalmente destruídos pela perda de tratamentos ou blocos). Esta argumentação é praticamente a mesma apresentada por Bearzoti (1994) com relação às vantagens dos blocos aumentados em relação aos delineamentos em *lattice*. Ademais, Pimentel Gomes & Garcia (1991) informam que, nesse tipo de análise, a estimação de componentes genéticos de variância tem solução exata e sem dificuldades.

Vizoni (1984) observou a semelhança entre os trabalhos de Federer (1956) e Pimentel Gomes & Guimarães (1958). Segundo o autor, blocos aumentados e análise intrablocos de um grupo de experimentos em blocos completos casualizados (BCC) com tratamentos comuns, se equivalem. Basta que se faça cada bloco do delineamento aumentado corresponder a um experimento em BCC, considerado sem repetição.

O trabalho de Carvalho (1991) propõe um modelo de análise similar, referido como uma aplicação de blocos casualizados com tratamentos comuns ao melhoramento da soja. O arranjo das parcelas no campo corresponde a b conjuntos de r parcelas cada, dentro de d repetições. Os tratamentos regulares são divididos igualmente entre os conjuntos (v/b), os quais recebem adicionalmente os tratamentos comuns (c), repetidos diferentemente dentro dos conjuntos. Assim, o modelo mais completo pressupõe que a observação feita na ijk -ésima parcela sofre os efeitos: do i -ésimo tratamento; do j -ésimo conjunto; da k -ésima repetição; da interação ‘tratamento comum \times conjunto’ (caso o i -ésimo tratamento seja comum); e do erro amostral dentro da parcela. A autora concluiu que a análise resulta, favoravelmente, em variâncias de contrastes de médias de tratamentos inferiores à proposta de Pimentel Gomes & Guimarães (1958).

Na realidade, o modelo de Carvalho (1991) corresponde a uma análise conjunta de um grupo de experimentos em blocos aumentados. Basta que se faça: *conjunto* equivalente a *bloco* e

repetição equivalente a *local*. Sua peculiaridade está em permitir o isolamento da interação ‘tratamentos comuns x conjuntos’ (até mesmo nas análises individuais), haja vista a repetição dos tratamentos comuns dentro de conjuntos. Todavia, admitindo-se a correspondência entre conjunto e bloco, esta interação só pode ser estimada dentro de repetições (locais). Um esquema muito semelhante foi adotado por Láinez-Mejía (1996), no Programa de Melhoramento de soja da ESALQ/USP.

Vale reportar também à metodologia de Pavate (1961), desenvolvida para a análise conjunta de ensaios em *BIB* com alguns tratamentos comuns. Sua análise fundamenta-se na solução geral para delineamentos em blocos, de forma que o autor considera o método de Pimentel Gomes & Guimarães (1958) como um caso particular. Apresenta, então, o que chama de um método simplificado para obtenção dos efeitos ajustados de tratamentos, baseado nas análises individuais dos *g* experimentos. Afonja (1968) estende a referida metodologia a *g* ensaios em *BIB*, não necessariamente com os mesmos parâmetros, deduzindo, a partir dela, o caso particular de blocos completos. A metodologia foi aplicada por Greiner (1986), que apresenta, em detalhes, os passos da análise estatística.

Outros procedimentos estatísticos similares à análise de blocos aumentados são os de Kálin (1966), Ferreira (1980), Oliveira (1986), Oliveira & Barbin (1988) e Oliveira (1990). O primeiro, citado por Oliveira & Barbin (1988), desenvolveu a análise intrablocos, interblocos e combinada para o caso de experimentos em *BIB* com adição de alguns tratamentos (comuns) em cada bloco. Ferreira (1980) aplicou este método, deduzindo por quadrados mínimos as fórmulas que permitem obter os efeitos de tratamentos ajustados, as somas de quadrados e as variâncias dos três tipos de contrastes possíveis entre pares de médias de tratamentos. Nesta análise, o autor utilizou dados de um experimento de competição de cultivares de soja, tendo sido feito o desdobramento dos efeitos de tratamentos (ajustados) em: ‘entre tratamentos originais’, ‘entre tratamentos adicionais’ e ‘entre os tipos de tratamentos’.

Oliveira (1986) aplicou a análise intrabloco à situação dos *PBIB*'s, com adição de tratamentos comuns em cada bloco. Na realidade, a situação apresenta-se como um caso particular do delineamento aumentado definido por Federer & Raghavarao (1975). Oliveira & Barbin (1988) estenderam a análise intrabloco a qualquer tipo de reticulado quadrado, balanceado ou parcialmente balanceado, a que eles denominaram de *delineamento em reticulado quadrado aumentado* (*augmented lattice design*). Oliveira (1990) ampliou o alcance do estudo anterior incluindo a análise com recuperação da informação interblocos. Nestes estudos, os autores têm constatado que a inclusão de tratamentos comuns em cada bloco proporciona uma melhoria na precisão das

comparações entre médias de tratamentos regulares, em relação aos *lattices* originais, principalmente quando se faz a recuperação da informação interblocos.

Com os próprios delineamentos aumentados, alguns outros desenvolvimentos merecem ser discutidos. Seguindo a abordagem de Pimentel Gomes & Guimarães (1958), Nogueira (1976) desenvolveu a análise conjunta de grupos de experimentos em blocos completos casualizados aumentados (com tratamentos idênticos em todos os experimentos). A autora adotou o sistema de equações normais reduzidas, característico da análise intrablocos, embora não o tenha assim denominado. Considerou o conjunto dos ensaios como um delineamento único de blocos incompletos, determinando os efeitos de tratamentos (sujeitos a restrições), análise da variância, médias ajustadas de tratamentos e a matriz de dispersão para fins de aplicação do teste *Tukey* às referidas médias.

Vizoni (1984) estudou a aplicação de blocos aumentados, em culturas perenes, com observações tomadas em anos ou estações sucessivas (blocos aumentados com parcelas subdivididas no tempo). Considerando a provável existência de correlação entre medidas numa mesma parcela (entre diferentes subparcelas, os anos), adotou o modelo em que as correlações são constantes e com independência entre as medidas de diferentes parcelas (matriz de variâncias e covariâncias homogênea e uniforme, por parcela). Apresenta, então, a metodologia de análise baseada na teoria de blocos incompletos, associada ao enfoque de medidas repetidas. Além da parte relativa à análise estatística intrablocos, o autor mostra também o procedimento para testar a homogeneidade e uniformidade da matriz de variâncias e covariâncias.

Silva (1987) apresenta o procedimento de análise de covariância para blocos completos aumentados. O autor ilustra-o por um exemplo fictício, com uma só covariável centrada ($x_{ij} = X_{ij} - m_X$) de efeito linear (α) sobre a variável resposta: $Y_{ij} = \mu + b_j + \tau_i + \alpha x_{ij} + e_{ij}$. Argumenta que a análise, além de melhorar o controle local, bastante afetado pela falta de repetição, leva em consideração outras variáveis que podem afetar aquela de interesse. A análise é expressa matricialmente sob o que o autor denomina modelo particionado convenientemente (sistema de equações normais reduzidas). A matriz \mathbf{X} (do delineamento) inclui, além dos coeficientes relativos a blocos e tratamentos, os da referida covariável. Da mesma forma, o vetor de parâmetros é aumentado para incluir o coeficiente de regressão linear de Y sobre X (parâmetro α). Os fundamentos teóricos de uma análise de covariância intrablocos com p covariáveis são também apresentados por Dias (1981), para os ensaios em *BIB*.

Marcos (1994) desenvolveu procedimentos para as análises individuais e conjunta de ensaios em blocos completos aumentados, aplicando o sistema *SAS*. Considerou as funções estimáveis e as hipóteses testadas pelas quatro somas de quadrados (*SQ*) fornecidas pelo “pacote”, determinando também as esperanças de quadrados médios a fim de compor o denominador adequado para a estatística *F*. Concluiu que a *SQ* tipo I do *SAS* não é adequada para o delineamento, tanto na análise individual como na análise conjunta, pois esta inclui outros efeitos além daqueles de interesse. Assim, a autora, de certa forma, contesta as *SQ*'s obtidas por Nogueira (1976). A *SQ* tipo III pareceu, então, ser a mais adequada, desde que a estatística *F* seja obtida pela opção ‘*test*’ do comando ‘*random*’ do procedimento *GLM/SAS*.

Uma característica dos últimos trabalhos mencionados é o fato de considerarem somente exemplos “balanceados” (testemunhas *r* vezes e tratamentos adicionais *uma* só vez). Isto, certamente, resultou na igualdade das funções estimáveis e *SQ*'s dos tipos II, III e IV, no trabalho de Marcos (1994). Além disso, na maior parte deles, a abordagem restringiu-se a modelos fixos (análise intrablocos), o que representa, sem dúvida, uma limitação prática. Em razão disso, Vizoni (1984) sugere pesquisas adicionais admitindo-se matrizes de variâncias e covariâncias menos restritas, desbalanceamento e modelos não estritamente fixos.

Nesse sentido, é necessário reportar novamente ao trabalho de Momenté (1994). A autora utilizou um modelo de blocos aumentados com tratamentos aleatórios (clones de batata) e hierárquicos em relação à origem (tipo de família). As análises intrablocos, por local, foram implementadas através do sistema computacional *MAPGEN*⁴. Em seguida, foi determinado um quadrado médio de *erro-efetivo* ($QM_{\text{Erro-efetivo}}$), usando-o para compor uma nova análise de variância, baseada nas médias ajustadas dos tratamentos regulares (Y_{ij}). O modelo correspondente é: $Y_{ij} = \mu + t_i + c_{j(i)} + e_{ij}$ (sendo: t_i o efeito do tipo da família clonal i , e $c_{j(i)}$ o efeito do clone j dentro da família clonal i). O $QM_{\text{Erro-efetivo}}$ foi calculado a partir das estimativas de variância dos contrastes envolvendo os tratamentos regulares⁵. Assim, tem-se: $E(QM_{\text{Treat.}}) = \sigma_e^2 + \sigma_g^2$ (sendo σ_e^2 a variância do erro efetivo e σ_g^2 a variância genética entre clones). Para a análise conjunta, utilizou as médias

⁴/ *MAPGEN* - Sistema computacional de análise estatística desenvolvido pelo Prof. Dr. Daniel F. Ferreira (Departamento de Ciências Exatas - Universidade Federal de Lavras – Lavras-MG).

⁵/ $QM_{\text{Erro-efetivo}} = \frac{\sum_{j=1}^b P1_j \sigma_1^2 + \sum_{j < j'}^b P2_{jj'} \sigma_2^2}{\sum_{j=1}^b P1_j + \sum_{j < j'}^b P2_{jj'}}$ (Vencovsky, citado por Momenté, 1994).

onde: $P1_j$ é o número de permutações dos tratamentos, no bloco j , tomados dois a dois; $P2_{jj'}$ é o número dos contrastes elementares entre tratamentos de blocos diferentes (j e j'); σ_1^2 e σ_2^2 são, respectivamente, as variâncias médias de contrastes elementares entre tratamentos que compartilham ou não de bloco(s) comum(uns).

ajustadas e como *resíduo efetivo*, a média dos $QM_{\text{Erro-efetivo}}$'s das análises de cada local. Com esta estimativa e a da variância entre tratamentos regulares ($\hat{\sigma}_g^2$), a autora assegura que os parâmetros genéticos foram estimados com maior precisão.

É oportuno também referir-se ao trabalho de Barbosa (1996). O autor adotou o seguinte modelo de análise de variância: $Y_{ij} = \mu + t_i' + t_{i(j)} + b_j + e_{j(i)}$; em que: t_i' é o efeito fixo do tratamento comum i' ; e $t_{i(j)}$ o efeito aleatório do tratamento adicional i dentro do bloco j . Para recuperar a informação interblocos, o autor obteve, após a análise intrablocos, uma estimativa do *erro efetivo*, por expressão atribuída a Ferreira (1995)⁶. Modelo idêntico foi adotado por Rios (1997). De posse das médias ajustadas (intrablocos), determinou, então, uma nova soma de quadrados de tratamentos, bem como o quadrado médio correspondente, cuja esperança matemática é também expressa simplesmente por: $\sigma_e^2 + \sigma_g^2$.

3. SOBRE A SUPOSIÇÃO DE EFEITOS FIXOS E ALEATÓRIOS NOS ENSAIOS DE COMPETIÇÃO DE GENÓTIPOS COM DELINEAMENTO DE BLOCOS

Em muitas situações práticas, a decisão entre admitir certos efeitos como fixos ou aleatórios não é imediatamente óbvia (Searle *et al.*, 1992). Por isso, estes autores sugerem que se responda algumas questões como: Os níveis do fator podem ser considerados uma amostra aleatória de uma população de níveis? “Sim” - indica que os efeitos devem ser tomados como aleatórios. “Não” - indica que, presumivelmente, as inferências ficarão restritas aos níveis incidentes nos dados e, então, os efeitos devem ser tomados como fixos. Logo, se as inferências forem feitas sobre uma população de efeitos, dos quais uma amostra aleatória faz parte dos dados, os efeitos serão de natureza aleatória. E, se as inferências ficarem confinadas aos efeitos no modelo, estes serão de natureza fixa.

Uma outra forma que os autores apresentam para a questão é: “Os níveis do fator vieram de uma distribuição de probabilidade?” e “Há informação suficiente acerca do fator para decidir se os níveis incidentes nos dados aproximam-se de uma amostra aleatória?”. Respostas negativas significam que se deve tratar o fator como de efeitos fixos e, então, estimar os efeitos daqueles

^{6/} $QM_{\text{Erro-efetivo}} = \left[1 + \frac{1}{r+c-1} + \frac{r}{c(r+c-1)} + \frac{(r-2n)\sum_{j=1}^b n_j^2}{cn^2(r+c-1)} + \frac{b\sum_{j=1}^b n_j^2}{n^2(r+c-1)} \right] QM_{\text{Erro(intra)}}$

r e c : números respectivos de tratamentos regulares (novos) e comuns (testemunhas); n e b : número total de parcelas e de blocos no experimento; e n_j : número de parcelas no bloco j ($j=1,2,\dots,b$).

níveis (obtenção dos *BLUE*'s). Contrariamente, respostas afirmativas significam tratar-se de fator de efeitos aleatórios e, por conseguinte, deve-se estimar o componente de variância a este associado. Neste caso, se também houver interesse nos valores realizados dos efeitos aleatórios, os quais ocorrem nos dados, faz-se o uso de procedimentos de predição para estes valores (obtenção dos *BLUP*'s).

Searle *et al.* (1992) informam ainda que a definição de efeitos aleatórios não demanda necessariamente populações infinitas para tais efeitos. Assim, fatores de efeitos aleatórios podem corresponder a populações conceituais de três tipos, em termos de tamanho: infinito, finito muito grande (como infinito) e finito. Apesar disso, os métodos usualmente difundidos assumem de fato populações de tamanho infinito, ou tão grande quanto, e adaptações metodológicas são requeridas para o tratamento de populações finitas.

Na prática, contudo, as definições anteriores parecem não ser suficientes para decidir, seguramente, se um fator é fixo ou aleatório. Opiniões contrastantes têm sido veiculadas na literatura, indicando que o assunto ainda não está perfeitamente estabelecido. No caso dos modelos de blocos, as discussões centram-se nas suposições acerca dos efeitos de blocos e de tratamentos. Aqui, o enfoque é dirigido para os ensaios em que os tratamentos constituem materiais genéticos sob seleção (linhagens, progênies, variedades, clones, híbridos, cultivares, etc.).

No que se refere aos efeitos de blocos, Piepho (1994) faz uma série de considerações. Em princípio, o autor também comenta que, se um efeito é mais apropriadamente fixo ou aleatório não depende muito de o pesquisador estar ou não interessado em um conjunto particular de efeitos, mas, antes de tudo, se os níveis do fator podem ou não ser assumidos como vindos de uma distribuição de probabilidade. Assim, recomenda que seja conveniente responder à seguinte questão: “Os blocos podem ser considerados uma amostra aleatória de uma população maior de blocos?”. Se assim o for: “Quais são os limites geográficos desta população?”. Na maioria dos casos, ainda que os blocos possam ser considerados como uma amostra de uma população, raramente pode-se assumir, com propriedade, que esta amostra seja aleatória.

Gusmão (1986) adverte que, para serem considerados aleatórios, os blocos não devem ser alocados de forma sistemática como geralmente o são. Por outro lado, assumir blocos como fixos significa que a população está confinada apenas aos blocos incluídos no experimento, o que também não parece razoável. Mas, de fato, o que se faz na prática em nada caracteriza a tomada aleatória de blocos numa população; pois nos experimentos agrícolas, via de regra, tomam-se blocos lado a lado, o que por si só já descaracteriza o processo de amostragem aleatória.

No melhoramento de plantas, a tendência tem sido tratar blocos como de efeitos aleatórios. Segundo Piepho (1997) a grande vantagem desta suposição é que ela permite inferências mais amplas. Contudo, quando os blocos não são uma amostra aleatória, seja porque foram selecionados deliberadamente ou porque são contíguos, inferências amplas podem ser equivocadas. Por exemplo, os erros padrão de médias amostrais podem estar subestimados. O autor também admite que, de fato, a decisão acerca de os blocos serem fixos ou aleatórios nem sempre é clara. Em razão disso, sugere que, na dúvida, parece mais razoável reduzir o espaço de inferência e, então, adotá-los como fixos.

Diante desse dilema, outras formas para avaliar se um fator é fixo ou aleatório ainda são disponíveis! Segundo Jiménez & Villa (1995), uma alternativa é imaginar que o ensaio há de ser repetido. Por exemplo, numa experimentação avaliando dois tipos de dieta sobre o crescimento de bezerros, o efeito “dieta” e o efeito “fazenda” são fixos, pois permanecem ao repeti-la. Ao contrário, o efeito “animal” é aleatório porque os mesmos animais não podem crescer duas vezes. Os animais são uma amostra de uma população de bezerros, da qual deve ser tomada, de forma aleatória, uma nova amostra para o segundo experimento.

Neste sentido, contrariando a argumentação de Piepho (1994) e Gusmão (1986), os blocos estabelecidos na experimentação agrícola podem, perfeitamente, enquadrar-se como efeitos aleatórios, uma vez que não há interesse algum em mantê-los numa possível repetição do ensaio. Federer & Wolfinger (1998) também compartilham desta opinião. Segundo os autores, os blocos de um experimento particular, ou mesmo os gradientes dentro deles, não têm importância outra senão o modo como afetam as médias de tratamentos. Logo, têm realisticamente efeitos aleatórios. Além disso, os autores entendem que, na análise de dados de ensaios delineados em blocos incompletos, modelar tais efeitos como aleatórios é sempre desejável, uma vez que garante maior precisão experimental. E acrescentam, tal como Federer (1998): ignorar a informação interblocos seria como ignorar a informação de parcela num delineamento em parcelas subdivididas.

A idéia subjacente a estas opiniões é a de que o uso da informação inter-efeitos (interblocos, inter-repetições, etc.), decorrente da respectiva suposição de aleatoriedade, representa tão somente a adoção de uma abordagem analítica menos restritiva. Ou seja, adotar um fator como de efeitos aleatórios corresponde a obter a “concessão” para explorar, estatisticamente, a informação de dependência entre os seus níveis, os quais poderiam estar relacionados por uma origem comum (população conceitual a que se refere Henderson, 1984). Ao contrário, considerá-lo como de efeitos fixos significa ignorar, *a priori*, um possível relacionamento entre os seus níveis, o que pode ser, muitas vezes, uma suposição pouco realista. Dado o caráter generalizado da abordagem de modelo

misto (McLean *et al.*, 1991), não havendo, de fato, relacionamento algum entre os níveis, a análise retorna, naturalmente (*a posteriori*), à condição particular de efeitos fixos.

Do lado dos genótipos, André (1999) reporta que, embora por definição os valores genéticos sejam efeitos aleatórios, estes têm sido tratados, por conveniência dos métodos de análise, como sendo efeitos fixos. E, de fato, de acordo com Piepho (1994), nos ensaios de competição de linhagens e cultivares, com mais frequência do que se pensa, é bastante apropriado assumir que os genótipos constituam uma amostra aleatória de uma certa população. O autor enfatiza que, quando o número de genótipos avaliados é grande, modelar os seus efeitos como aleatórios pode ser preferível, a despeito de as definições tradicionais fazê-los como fixos. Além disso, ao assumir os efeitos genotípicos como aleatórios, não se elimina necessariamente o interesse nas respostas genotípicas individuais; ou seja, o interesse não recai simplesmente sobre o componente de variância associado. Assim, se o número de genótipos for elevado (ex: algo entre 20 e 100), *BLUP* é mais eficiente do que *BLUE*, visto que, normalmente, a distribuição dos efeitos genotípicos é razoavelmente simétrica. Em síntese, o autor sugere que, preferencialmente, deve-se modelar efeitos genotípicos como aleatórios, mesmo quando estes forem tidos como fixos de acordo com as definições clássicas.

Federer & Wolfinger (1998) reportam, então, à chamada recuperação de *informação intergenotípica* ou *intervarietal* para as análises estatísticas de dados experimentais, na área de melhoramento genético. Esta informação, aproveitada sob aleatoriedade dos efeitos genotípicos, refere-se a um certo “parentesco” compartilhado pelos genótipos em teste, expresso pela variabilidade entre eles (σ_g^2) e decorrente de sua origem comum. O termo “parentesco”, aqui entre aspas, não tem, obrigatoriamente, o sentido genético da probabilidade de dois tratamentos possuírem alelos idênticos por descendência. Embora, tal informação genealógica (ou medidas de similaridade obtidas por marcadores genéticos), uma vez disponível, possa ser incorporada à análise, ponderando-se a variância σ_g^2 e trazendo benefícios às estimativas e previsões. Por outro lado, admitir efeitos genotípicos como fixos significa ignorar este possível relacionamento e, antecipadamente, perder esta informação em prejuízo da análise e do processo seletivo. Por isso, estes autores também entendem que, considerar os efeitos de genótipos como aleatórios, quase sempre, é uma prática salutar. Outros estudiosos comungam deste ponto de vista (Hill & Rosenberger, 1985; Stroup & Mutilze, 1991; Bueno Filho, 1997; Wolfinger *et al.*, 1997; Federer, 1998; André, 1999). As vantagens estatísticas do uso desse tipo de informação, à semelhança da

análise interblocos, estão relacionadas ao aumento da precisão experimental (ex: redução de erros padrão de médias), embora isto possa ter um elevado custo computacional.

André (1999) informa que, tomando-se valores genéticos como efeitos aleatórios, a sua predição pode ser efetuada utilizando-se uma metodologia que combina a melhor estimativa linear não tendenciosa dos efeitos fixos (*BLUE*), através de quadrados mínimos generalizados, e a melhor predição linear não tendenciosa dos efeitos aleatórios (*BLUP*). O autor menciona que esta técnica tem a vantagem de levar em conta as covariâncias de caráter genético existentes entre os indivíduos (genótipos), através do uso de informações de parentesco ou similaridade genética, obtidas com dados de genealogias ou mesmo por marcadores moleculares. Acrescenta também que a utilização de informações de parentesco, além de melhorar as predições dos valores genéticos, remove tendências atribuídas aos diversos grupos genéticos, diminui influências de processos seletivos e permite até prever valores genéticos de indivíduos não avaliados. Isso porque, sob pouca ou nenhuma informação de um indivíduo, os dados de seus parentes contribuem para a predição do seu valor genético. Porém, assumindo-se os genótipos como fixos, esta possibilidade desaparece. Por isso, a adoção de uma estrutura de covariâncias simplificada (modelo de efeitos fixos), somente se justificaria por razões de facilidade computacional.

Vale reportar ainda à advertência de Bueno Filho (1997), de que o pesquisador deve estar consciente de que análises distintas, resultantes de ora assumir um determinado fator como fixo e ora considerá-lo como aleatório, produzem médias ajustadas diferentes, com possível modificação no seu ordenamento. Federer & Wolfinger (1998; 1996) e Federer (1998) também reportam este fato, alertando para a necessidade de adotar modelos apropriados a cada situação, ao invés de sempre usar as análises convencionais descritas nos livros didáticos.

À luz das ponderações anteriores, fica evidente que decidir se um determinado fator (blocos ou tratamentos) é de natureza fixa ou aleatória, não é sempre trivial. Logo, é recomendável um bom entrosamento entre melhoristas e biometristas para se evitar possíveis equívocos decorrentes de uma escolha inadequada. Enfim, é mister observar que, apesar da polemicidade do tema, precedente para certos casuismos, as opiniões dos diversos autores são coerentes e não totalmente contraditórias. Desse modo, podem auxiliar estes pesquisadores para uma tomada de decisão mais acertada. Contudo, parece também evidente a necessidade de estudos adicionais que venham apresentar um posicionamento mais definitivo para essa questão. Aliás, conforme enfatizam Stroup & Mulitze (1991) e Piepho (1994), a distinção tradicional entre efeitos fixos e aleatórios, muitas vezes, não é útil e pode, de fato, levar o analista a escolher uma alternativa de análise menos eficiente.

4. MODELOS MISTOS E COMPONENTES DE VARIÂNCIA

4.1. Considerações gerais

Segundo Henderson (1984), quase sempre, o objetivo do analista de dados é ajustar um modelo que seja uma adequada aproximação da realidade. Quando os parâmetros que compõem o modelo compreendem uma mistura de fatores com efeitos de natureza fixa e aleatória, este é definido como um *modelo misto* (Searle *et al.*, 1992; Verbeke & Molenberghs, 1997). Nesta importante classe de modelos, três objetivos são fundamentais: a estimação e testes dos efeitos fixos, a estimação e testes dos efeitos aleatórios, e a estimação dos componentes de variância devidos aos fatores aleatórios (Perri & Iemma, 1996; López & Iemma, 1998).

Para distinguir estimadores de efeitos fixos daqueles de efeitos aleatórios, é usual referir-se aos últimos como *preditores* (Robinson, 1991). Por conveniência interpretativa e simplificação matemática, em geral, buscam-se estimadores e preditores lineares. E, entre os lineares, a preferência recai sobre os não viesados e de variância mínima, ou seja, os *BLUE's* e *BLUP's*, respectivamente.

Os procedimentos tradicionais desenvolvidos para modelos lineares fixos ($\mathbf{y}=\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}+\boldsymbol{\varepsilon}$, com $\boldsymbol{\varepsilon}\sim N(\boldsymbol{\phi},\mathbf{R}=\mathbf{I}\sigma^2)$), baseados no método de quadrados mínimos ordinário, não permitem lidar com efeitos aleatórios além do erro experimental. Nestes, a matriz \mathbf{V} , de variâncias-covariâncias dos dados, coincide com a matriz de variâncias-covariâncias dos erros ($\mathbf{V}=\mathbf{R}=\mathbf{I}\sigma^2$), o que corresponde a uma situação de completa independência entre as observações. Num modelo misto, os níveis de um fator aleatório estão relacionados entre si por uma população de referência, provocando uma covariância entre as observações. Assim, mesmo admitindo-se independência entre os erros, a matriz \mathbf{V} não é mais $\mathbf{I}\sigma^2$, pois incorpora a nova estrutura de correlação presente nos dados.

Na notação de modelos lineares mistos escreve-se, então: $\mathbf{y}=\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}+\mathbf{Z}\boldsymbol{\gamma}+\boldsymbol{\varepsilon}$; com: $\boldsymbol{\varepsilon}\sim N(\boldsymbol{\phi},\mathbf{R})$; $\boldsymbol{\gamma}\sim N(\boldsymbol{\phi},\mathbf{G})$; $E(\mathbf{y})=\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$; e $Var(\mathbf{y})=\mathbf{V}=\mathbf{Z}\mathbf{G}\mathbf{Z}'+\mathbf{R}$ (os termos do modelo já foram definidos no item 2.2). Esta modelagem generaliza qualquer estrutura de correlação entre as obser-vações, seja pela inclusão de novos fatores aleatórios ao modelo (matriz \mathbf{G}), seja pela existência de correlação espacial ou temporal entre as unidades de observação (matriz \mathbf{R}). É comum assumir, por conveniência e falta de informações: $\mathbf{G}=\mathbf{I}\sigma_g^2$ e $\mathbf{R}=\mathbf{I}\sigma_e^2$ (Cullis *et al.*, 1989). Isto, certamente, não corresponde às melhores estruturas para as diversas situações reais. Assim, como já exemplificado, dispendo-se de informações de parentesco

ou similaridade genética entre os genótipos, é conveniente ponderar a variância σ_g^2 pela matriz de coeficientes de parentesco (**A**), resultando em: $\mathbf{G}=\mathbf{A} \sigma_g^2$ (Jiménez & Villa, 1995; André, 1999). Da mesma forma, $\mathbf{I} \sigma_e^2$ não é uma estrutura apropriada para a matriz **R**, num modelo de ensaio de competição de cultivares, cujas parcelas vizinhas mostrem similaridade intrínseca à variabilidade local (ex: gradientes de fertilidade do solo dentro de blocos). O mesmo verifica-se para experimentos com medidas repetidas numa mesma unidade experimental (Littell *et al.*, 1996; Verbeke & Molenberghs, 1997).

Contrariamente à estimação em modelos lineares fixos, baseada no método de quadrados mínimos ordinário (*OLS*), a obtenção de *BLUE* e *BLUP*, em modelos lineares mistos, não é independente dos parâmetros de variabilidade (**G** e **R**). Assim, recomenda-se o uso do método de quadrados mínimos generalizado (*GLS*), baseado na minimização de $(\mathbf{y}-\mathbf{X}\boldsymbol{\beta})'\mathbf{V}^{-1}(\mathbf{y}-\mathbf{X}\boldsymbol{\beta})$. Neste caso, entretanto, é notória a necessidade do conhecimento da matriz **V** e, por isso, de **G** e **R**. Na falta desta informação, uma abordagem é usar *GLS estimado*, em que se insere alguma estimativa razoável de **V** no problema de minimização (Littell *et al.*, 1996; SAS Institute, 1997). Assim, na maioria das aplicações (componentes de variância desconhecidos), o primeiro objetivo numa análise de modelos lineares mistos é, em geral, obter razoáveis estimativas para **G** e **R**; embora alguns procedimentos determinem, quase simultaneamente, componentes de variância, *BLUE's* e *BLUP's* através de algoritmos iterativos.

Há vários métodos para estimar componentes de variância, mas, neste momento, assumir-se-á que tais parâmetros são conhecidos ou que se dispõe de estimativas confiáveis para estes. Uma discussão sobre os principais métodos, bem como alguns resultados comparativos, é reservada ao item 4.3. É oportuno ressaltar que, no melhoramento genético, com o advento da metodologia de modelos mistos, os componentes de variância deixaram de ser enfocados como um fim em si, para representarem papel fundamental na predição de valores genéticos ou genotípicos (índices de seleção, *BLP*, *BLUP*, *EBLUP*). Assim, os processos de estimação e predição têm sido implementados simultaneamente, na seleção de progênie ou genitores, por meio das *equações do modelo misto* (Jiménez & Villa, 1995; Resende *et al.*, 1996a). Todavia, uma boa escolha do método de estimação de **G** e **R** ainda é determinante no sucesso da predição, pois a eficiência de preditores como o *BLUP*, para fins de seleção, está condicionada à disponibilidade de boas estimativas dos componentes de variância (Bueno Filho, 1997).

4.2. Estimaco e predico dos efeitos no modelo linear misto

Conhecendo-se os valores paramtricos dos componentes de varincia (**G** e **R**) ou suas estimativas, o passo seguinte  estimar o vetor de efeitos fixos β (ou uma funo a este associada) e prever o vetor de efeitos aleatrios γ (ou tambm alguma funo de γ). Ambos os problemas podem ser resolvidos atravs das chamadas *equaes de modelo misto* (EMM), propostas por Henderson em 1948 (Littell *et al.*, 1996; Henderson, 1984):

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^0 \\ \tilde{\gamma} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix}.$$

A soluo do sistema, aps algumas manipulaes algbricas,  dada por:

$$\begin{aligned} \beta^0 &= (\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y} ; e \\ \tilde{\gamma} &= \mathbf{G}\mathbf{Z}'\mathbf{V}^{-1}(\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta^0) = \mathbf{C}\mathbf{V}^{-1}(\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta^0) \end{aligned}$$

em que: $\mathbf{C}=\mathbf{G}\mathbf{Z}'$  a matriz de covarincias entre \mathbf{y} e γ (covarincia entre observaes fenotpicas e valores genotpicos verdadeiros).

Apesar das solues matricialmente explcitas para β^0 e $\tilde{\gamma}$, na prtica, o uso destas expresses pode ter um elevado custo computacional, haja vista a necessidade de inverso da matriz **V**, de ordem $n \times n$. Assim,  comum buscarem-se alternativas que impliquem numa maior eficincia computacional. Andr (1999) apresenta um destes procedimentos. Outra forma de faz-lo  usando-se uma inversa generalizada da matriz de coeficientes do vetor paramtrico, a qual tem dimenso $(p+q) \times (p+q)$, inferior a $n \times n$ (p e q so os nmeros de efeitos fixos e aleatrios, respectivamente) (McLean *et al.*, 1991):

$$\begin{bmatrix} \beta^0 \\ \tilde{\gamma} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

Nota-se, portanto, que as EMM so equaes normais estendidas e assumem que **G** e **R** sejam matrizes no singulares (positivas definidas).  fcil perceber tambm que, se \mathbf{G}^{-1} tende para a matriz nula, as EMM tendem para as equaes de *GLS* para estimar β e γ , quando os componentes de γ so considerados fixos (Robinson, 1991). Isto equivale s situaes em que **G** possui autovalores muito grandes ($\sigma_g^2 \rightarrow \infty$, no caso particular $\mathbf{G}=\mathbf{I}\sigma_g^2$) e \mathbf{G}^{-1} contribui muito pouco para as EMM. Assim, $\tilde{\gamma}$ ser bastante prximo de $\hat{\gamma}$, o qual seria obtido assumindo-se γ com parmetros de efeitos fixos. Por outro lado,

quando os autovalores de \mathbf{G} forem muito pequenos (ex: $\sigma_g^2 \rightarrow 0$, sob $\mathbf{G}=\mathbf{I}\sigma_g^2$), \mathbf{G}^{-1} domina as EMM e $\tilde{\boldsymbol{\gamma}}$ tende para zero. Nos casos intermediários, \mathbf{G}^{-1} opera reduzindo a magnitude das estimativas (*shrinking*) de $\boldsymbol{\gamma}$ supostamente fixo, até zero. E, se \mathbf{G} for singular, as equações devem ser modificadas (SAS Institute, 1997). Henderson (1984) discute esta situação e dá as expressões que resultam nas variâncias amostrais corretas. Neste caso, os elementos de $\tilde{\boldsymbol{\gamma}}$ correspondentes à porção singular de \mathbf{G} igualam-se a zero. Isso ocorre, por exemplo, quando uma estimativa negativa de componente de variância é assumida nula por restrição (SAS Institute, 1997).

Quando \mathbf{G} e \mathbf{R} são conhecidas, $\boldsymbol{\beta}^0$ (ou, mais provavelmente, alguma função estimável $\mathbf{L}'\boldsymbol{\beta}^0$) é chamado *melhor estimador linear não viesado (BLUE - best linear unbiased estimator)* de $\boldsymbol{\beta}$ (ou de $\mathbf{L}'\boldsymbol{\beta}$), e $\tilde{\boldsymbol{\gamma}}$ é denominado *melhor preditor linear não viesado (BLUP - best linear unbiased predictor)* de $\boldsymbol{\gamma}$. Como, muitas vezes, \mathbf{G} e \mathbf{R} são desconhecidas, dispendo-se apenas de suas estimativas, os termos *BLUE* e *BLUP* não mais se aplicam. Neste caso, é apropriado substituí-los por *EBLUE (empirical best linear unbiased estimator)* e *EBLUP (empirical best linear unbiased predictor)*, respectivamente (SAS Institute, 1997; Littell *et al.*, 1996). O termo *empírico* é adicionado, portanto, para indicar esse tipo de aproximação.

A matriz de variâncias-covariâncias dos parâmetros, $\mathbf{C}_{\boldsymbol{\beta}^0, \tilde{\boldsymbol{\gamma}}}$, no caso de \mathbf{G} e \mathbf{R} conhecidas, é dada por:

$$\mathbf{C}_{\boldsymbol{\beta}^0, \tilde{\boldsymbol{\gamma}}} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1} \end{bmatrix}^{-1}.$$

Caso contrário, assumindo-se alguma perda de eficiência, as estimativas ($\hat{\mathbf{G}}$ e $\hat{\mathbf{R}}$) substituem os seus respectivos parâmetros na expressão precedente, ou seja:

$$\hat{\mathbf{C}}_{\boldsymbol{\beta}^0, \tilde{\boldsymbol{\gamma}}} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\hat{\mathbf{R}}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\hat{\mathbf{R}}^{-1}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\hat{\mathbf{R}}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\hat{\mathbf{R}}^{-1}\mathbf{Z} + \hat{\mathbf{G}}^{-1} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} \hat{\mathbf{C}}_{11} & \hat{\mathbf{C}}'_{21} \\ \hat{\mathbf{C}}_{21} & \hat{\mathbf{C}}_{22} \end{bmatrix};$$

$$\text{com: } \begin{cases} \hat{\mathbf{C}}_{11} = (\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}; & \hat{\mathbf{C}}_{21} = -\mathbf{G}\mathbf{Z}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}\hat{\mathbf{C}}_{11}; \text{ e} \\ \hat{\mathbf{C}}_{22} = (\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1} - \hat{\mathbf{C}}_{21}\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{Z}\mathbf{G} \end{cases}.$$

Os resultados de partição da matriz $\hat{\mathbf{C}}_{\boldsymbol{\beta}^0, \tilde{\boldsymbol{\gamma}}}$ são gerais conhecendo-se ou não as matrizes paramétricas \mathbf{G} e \mathbf{R} . Note-se que $\hat{\mathbf{C}}_{11}$ é a fórmula familiar da matriz de

variâncias-covariâncias de β^0 , solução de *quadrados mínimos generalizados*, implicando em: $Var(\mathbf{L}'\beta^0) = \mathbf{L}'\hat{\mathbf{C}}_{11}\mathbf{L}$; entre outras propriedades (Henderson, 1984; p. 45).

Na realidade, $\hat{\mathbf{C}}_{\beta^0, \tilde{\gamma}}$ tenderá a subestimar a verdadeira variabilidade do vetor paramétrico $[\beta^0, \tilde{\gamma}]'$, porque não leva em conta a incerteza própria da estimação de \mathbf{G} e \mathbf{R} . Fatores de inflação já têm sido propostos, mas, em virtude de avaliação incipiente, ainda não foram implementados pelos principais *softwares* de análise estatística. Robinson (1991) assegura que, se os parâmetros de dispersão necessitam ser estimados, as estimativas de ponto geralmente não carecem de modificações; pois, condições pouco restritivas garantem não tendenciosidade a β^0 e $\tilde{\gamma}$ (estimáveis), mesmo sob $\hat{\mathbf{G}}$ e $\hat{\mathbf{R}}$. Mas a precisão estimada para os *BLUP*'s mereceria alguma correção, embora, na prática, isto normalmente seja ignorado ou contornado apenas com uma interpretação conservativa.

Voltando às expressões de β^0 e de $\tilde{\gamma}$, é mister observar que ambas as soluções são dependentes da estrutura de variabilidade dos dados (\mathbf{V}), ao contrário de *OLS*, em que \mathbf{V} interfere somente nos testes de hipóteses (Littell *et al.*, 1996). Além disso, não só a estrutura de resíduos (\mathbf{R}) influi nestes resultados, mas também a interdependência entre os níveis de cada fator aleatório (\mathbf{G}), haja vista a constituição da matriz \mathbf{V} . Este fato confere vantagens aos estimadores *GLS* em relação aos *OLS*, pois, na carência de informação individual, as informações dos “parentes” contribuem para a predição do valor de cada indivíduo, inclusive daqueles não observados. Em melhoramento, a magnitude desta contribuição aumenta à medida que se eleva o grau de relacionamento genético entre os indivíduos (André, 1999). Assim, sob herdabilidade (h^2) baixa, quando os estimadores *BLUE* de *OLS* são, por natureza, pobres, os correspondentes *BLUP* ganham eficiência comparativa (sob h^2 elevada ambos têm igual eficiência).

Ainda no campo da genética, é oportuno notar que o *BLUP* $\tilde{\gamma}$ é uma combinação linear das observações já ajustadas para efeitos ambientais (vetor \mathbf{y} livre dos efeitos fixos: $\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta^0$), cujo coeficiente é a relação entre a covariância de valores genotípicos e fenotípicos e a variância fenotípica (o coeficiente equivale à herdabilidade). Entre suas propriedades, além de serem, por construção, de erro médio quadrático mínimo, lineares em \mathbf{y} e não viesados, no sentido de $E(\tilde{\gamma}) = E(\boldsymbol{\gamma})$, deve-se enumerar: *i)* $\tilde{\gamma}$ é o preditor de máxima correlação com o verdadeiro vetor de valores genotípicos ($\boldsymbol{\gamma}$); e *ii)* sob

normalidade do caráter e dos valores genotípicos, $\tilde{\gamma}$ é o critério ótimo de seleção, pois apresenta o ordenamento de candidatos que maximiza a média genotípica populacional na geração seguinte (Jiménez & Villa, 1995).

Com relação aos diversos sistemas computacionais disponíveis para a análise de modelos mistos (incluindo-se a estimação de componentes de variância), Montebelo (1997) conclui que, entre dez sistemas, o *SAS* apresenta maior flexibilidade através de seus procedimentos *GLM*, *VARCOMP* e *MIXED*, fornecendo a análise de variância mais completa. Entre estes procedimentos, a autora destaca a excelente *performance* do *PROC MIXED*. Schwarz (1993) também faz comparação neste sentido, ressaltando o poder e a flexibilidade do sistema *SAS*. Este autor, contudo, recomenda cuidados na seleção dos quadrados médios apropriados para testes de hipóteses, bem como para certas saídas de erros padrão de funções estimáveis e de médias marginais, quando se utiliza os procedimentos *GLM* e *VARCOMP*. Recomendações similares acerca do *PROC MIXED / SAS*, bem como instruções para a análise de modelos mistos em delineamentos aumentados e outros blocos incompletos, são apresentadas por Wolfinger *et al.* (1997) e Federer & Wolfinger (1998). Outra referência de aplicação do *SAS* a modelo misto de blocos aumentados é Scott & Milliken (1993). Nestes artigos são listados programas que permitem, inclusive, escolher entre os métodos de estimação de componentes de variância disponíveis no sistema.

4.3. Componentes de variância

4.3.1. Métodos de estimação

Diversas metodologias têm sido propostas para estimar componentes de variância. Entretanto, escolher uma delas não é uma tarefa fácil. Especialmente para modelos mistos e conjuntos de dados desbalanceados (Searle *et al.*, 1992). A grosso modo, os métodos de estimação de componentes de variância podem ser reunidos em três categorias: *i*) os procedimentos derivados do método dos momentos, entre os quais se incluem o tradicional *método da análise de variância* e os três *métodos de Henderson*; *ii*) a estimação quadrática de norma mínima (*MINQE*), incluindo-se os métodos *MINQUE* (*minimum norm quadratic unbiased estimation*) e *MIVQUE* (*minimum variance quadratic unbiased estimation*); e *iii*) os métodos baseados em máxima verossimilhança, *ML* (*maximum likelihood*), *REML* (*restricted maximum likelihood*) e sua recente versão bayesiana *VEIL* (*variance estimation from integrated likelihood*).

O método da análise de variância (*ANOVA*) tem sua proposição atribuída a Fisher (1918). Sua versão clássica, historicamente a de maior aplicação, é empregada para conjuntos de dados balanceados, em modelos fixos ou completamente aleatórios. Nestas situações, o método produz estimadores com propriedades estatísticas desejáveis, não tendenciosos e de variância mínima (Barbin, 1998). Entretanto, para dados desbalanceados e, em particular, no caso de modelos mistos, perde muito de suas qualidades (Swallow & Monahan, 1984; Littell & McCutchan, 1987). Os estimadores *ANOVA* são obtidos, tradicionalmente, equacionando-se os quadrados médios (*QM*) de cada fonte de variação, numa tabela de análise de variância, aos seus respectivos valores esperados teoricamente, as $E(QM)$. Para conjuntos de dados balanceados, estas esperanças matemáticas podem ser construídas utilizando-se métodos práticos de fácil aplicação (Barbin, 1998). Todavia, para conjuntos desbalanceados, sobretudo em modelos mistos, a sua obtenção não é trivial, sendo, por isso, necessária uma abordagem conceitualmente mais genérica.

Os métodos de Henderson (1953), que também podem ser considerados estimadores *ANOVA*, pois baseiam-se no mesmo princípio teórico, introduziram essa abordagem mais geral ao problema da estimação de componentes de variância. O autor lidou com o conceito de redução na soma de quadrados, ou seja, com somas de quadrados já ajustadas para outros efeitos e possíveis desbalanceamentos. Em síntese, os métodos consistem em construir formas quadráticas das observações, $\mathbf{y}'\mathbf{A}_i\mathbf{y}$ ($i=1,2,\dots,s$; sendo s o número de parâmetros σ_i^2 a serem estimados), e também equacioná-las às respectivas expressões de suas esperanças matemáticas. Estas, por sua vez, são

funções lineares dos parâmetros σ_i^2 , fornecidas pelo teorema clássico de formas quadráticas: $E(\mathbf{y}'\mathbf{A}_i\mathbf{y}) = \text{tr}(\mathbf{A}_i\mathbf{V}) + E(\mathbf{y}')\mathbf{A}_iE(\mathbf{y})$; em que tr representa a operação traço de uma matriz e \mathbf{V} é a matriz de variâncias-covariâncias das observações em \mathbf{y} (Valério Filho, 1983). A solução das equações resultantes produzem as estimativas $\hat{\sigma}_i^2$ de interesse.

Mais especificamente, as três proposições de Henderson (1953) tiveram a seguinte orientação: *i)* o método 1 é uma extensão do método *ANOVA* clássico para o caso de modelos aleatórios com desbalanceamento; *ii)* o método 2 representa uma modificação do método 1 para alguns tipos de modelos mistos, sem interação e hierarquizações; e *iii)* o método 3 presta-se a modelos mistos e aleatórios (Valério Filho, 1983; 1991). Estes métodos, de fato, foram preteridos a partir da divulgação dos estimadores de máxima verossimilhança (*ML* e *REML*) e dos estimadores quadráticos não viesados de norma e de variância mínimas (*MINQUE* e *MIVQUE*).

Os estimadores *ANOVA* (incluindo-se os métodos de Henderson), apesar de não viesados, mesmo sob desbalanceamento, não possuem propriedades importantes como, por exemplo, variância mínima (Littell & McCutchan, 1987). Por isso, C. R. Rao, em 1970, entendeu que propriedades como não tendenciosidade, invariância à translação (não ser afetado por mudanças nos efeitos fixos) e norma ou variância mínima poderiam ser incorporadas num estimador de componente de variância ($\hat{\sigma}_i^2$), escolhendo-se convenientemente a matriz núcleo da forma quadrática correspondente.

Para os métodos *MINQUE* e *MIVQUE*, considera-se um modelo linear misto geral dado por: $\mathbf{y}=\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}+\sum_{i=1}^s\mathbf{Z}_i\mathbf{u}_i$ (o erro e os demais efeitos aleatórios são representados pelos vetores \mathbf{u}_i), com: $E(\mathbf{y})=\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$ e $\mathbf{V}=\sum_{i=1}^s\sigma_i^2\mathbf{Z}_i\mathbf{Z}_i'=\sum_{i=1}^s\sigma_i^2\mathbf{V}_i$. Admite-se também que a estimativa de um componente de variância é obtida a partir de uma combinação linear dos componentes ($\sum_{i=1}^s p_i\sigma_i^2$). Assim, a forma quadrática $\mathbf{y}'\mathbf{A}\mathbf{y}$ (um tipo de soma de quadrados das observações) é dita ser um *MINQUE* de $\sum_{i=1}^s p_i\sigma_i^2$, se \mathbf{A} for escolhida de norma euclidiana ($\|\mathbf{A}_i\|=[\text{tr}(\mathbf{A}_i^2)]^{1/2}$) mínima, sujeito a: $\mathbf{A}=\mathbf{A}'$, $\mathbf{A}\mathbf{X}=\boldsymbol{\phi}$ e $\text{tr}(\mathbf{A}\mathbf{V}_i)=p_i$ (Rao, 1970; 1971a; Searle *et al.*, 1992). Tais estimadores, sob normalidade, possuem adicionalmente a propriedade de variância mínima, ou seja, são também *MIVQUE* (Swallow & Monahan, 1984; Marcelino, 1998). Os estimadores *MIVQUE*, por sua vez, podem ser obtidos independentemente da distribuição dos dados. Assim, o *MIVQUE* de $\sum_{i=1}^s p_i\sigma_i^2$ é dado pela forma quadrática $\mathbf{y}'\mathbf{A}\mathbf{y}$, sendo \mathbf{A} uma matriz

simétrica escolhida de modo a minimizar a variância de $\mathbf{y}'\mathbf{A}\mathbf{y}$, sujeito também a: $\mathbf{A}\mathbf{X}=\boldsymbol{\phi}$ e $\text{tr}(\mathbf{A}\mathbf{V}_i)=p_i$ (Rao, 1971b; Swallow & Searle, 1978).

Os estimadores *MINQUE* e *MIVQUE* possuem o inconveniente de exigirem, no seu cálculo, o fornecimento de valores iniciais dos componentes de variância. Assim, tais estimadores são funções dos dados e destes valores preestabelecidos. Na estimação *MIVQUE*, é comum utilizar-se como valores *a priori*, ou as estimativas *ANOVA*, denominado método *MIVQUE(A)*, ou estimativas $\hat{\sigma}_i^2=0$ (para fatores aleatórios outros que não o erro) e $\hat{\sigma}_e^2=1$, conhecido como *MIVQUE(0)* (a escolha *MIVQUE* padrão do sistema *SAS*). Este fato faz com que os *MIVQUE*'s sejam apenas localmente de variância mínima, isto é, desfrutem desta propriedade somente quando os valores *a priori* forem iguais aos valores paramétricos. Dado que, em aplicações, o usuário não pode fornecer valores perfeitos, estes estimadores não são realisticamente de variância mínima. Apesar disso, Swallow & Monahan (1984) reconhecem que, se $\sigma_i^2/\sigma_e^2 > 1$ e esta relação não for drasticamente subestimada pelos valores *a priori*, as estimativas $\hat{\sigma}_i^2_{MIVQUE}$ são mais eficientes do que as $\hat{\sigma}_i^2_{ANOVA}$. Já para o parâmetro σ_e^2 , as estimativas dos dois métodos usualmente diferem pouco. Rao & Kleffe (1988) reforçam que ambos os métodos (*MINQUE* e *MIVQUE*) são relativamente robustos a variações nos valores preestabelecidos.

Por último, os métodos baseados em máxima verossimilhança procuram explorar a informação da distribuição de probabilidade dos dados, geralmente confinada à suposição de normalidade. Assim, esta abordagem, em muitas situações, tem sido considerada a melhor para estimar componentes de variância (Littell *et al.*, 1996). Segundo Rao & Kleffe (1988), o método *ML* foi primeiramente utilizado por Crump (1947), mas foi Hartley & Rao (1967) que realmente formalizaram e estimularam o interesse por esta abordagem. O método *REML* (ou máxima verossimilhança *modificada, residual* ou *marginal*), embora também descrito anteriormente (Anderson & Bancroft, 1952, citados por Searle *et al.*, 1992), foi generalizado para modelos mistos desbalanceados por Patterson & Thompson (1971), no artigo clássico sobre recuperação de informação interblocos. A descrição completa enfatizando somente a estimação de componentes de variância é apresentada em Patterson & Thompson (1974).

De uma forma breve, enquanto *ML* estima os componentes de variância pelos valores que maximizam a função de verossimilhança completa das observações sobre o espaço paramétrico; *REML* desdobra a verossimilhança em duas funções, uma das quais é livre dos efeitos fixos (localmente invariante) e sujeita à maximização para encontrar as estimativas destes componentes.

Contrariamente a *ML*, *REML* leva em conta a perda de graus de liberdade associada à estimação dos efeitos fixos, corrigindo-se um viés intrínseco dos estimadores *ML* para pequenas amostras. Na prática, uma das limitações destes métodos é que, em geral, os seus estimadores não têm expressões explícitas, requerendo iterações para o seu cálculo. Isto pode dificultar sobremaneira o processo computacional para grandes conjuntos de dados (Swallow & Monahan, 1984).

A máxima verossimilhança integrada (*VEIL*) foi proposta por Gianola & Foulley, em 1990, e baseia-se em métodos estatísticos bayesianos. Comparativamente, enquanto *ML* utiliza a função de verossimilhança de \mathbf{y} e *REML* o faz através de um vetor transformado de observações livres dos efeitos fixos, no método *VEIL*, a máxima verossimilhança é derivada da maximização da função densidade conjunta *a posteriori* dos efeitos fixos e dos componentes de variância-covariância de \mathbf{y} . As fórmulas resultantes são similares às dos métodos *ML* e *REML*, com a diferença de que em *VEIL* consideram-se os graus de liberdade utilizados para estimar os efeitos fixos e cada componente de variância. Além disso, a adoção de procedimentos bayesianos permite que informações passadas sobre os componentes de variância sejam levadas em consideração (André, 1999).

4.3.2. Sobre a qualidade dos estimadores

Dada a diversidade de métodos e as diferentes propriedades de seus estimadores, uma grande ênfase tem sido dada aos estudos comparativos, sobretudo em modelos mistos desbalanceados (Searle *et al.*, 1992). Entretanto, apesar das tentativas de apontar alguns métodos como genericamente superiores, infelizmente, em boa parte dos casos, os resultados são restritos ao conjunto modelo-dados utilizado (Littell & McCutchan, 1987). Ou seja, parece que, de fato, “nenhum consenso existe sobre a melhor forma de estimar componentes de variância” (Christensen *et al.*, 1992). De qualquer modo, para um melhor entendimento do assunto, é fundamental avaliar as tendências dos diversos estimadores nos estudos comparativos.

Apesar das diferentes abordagens na estimação de componentes de variância, em diversas situações, dois ou mais métodos produzem estimativas coincidentes. Para dados balanceados, a maioria deles se equivalem. Rao & Kleffe (1988) mostram ainda que os métodos *ML* e *REML* podem ser exibidos como versões iterativas dos estimadores *MINQE*, embora no desenvolvimento destes, nenhuma suposição seja requerida quanto à distribuição dos efeitos aleatórios. Uma diferença básica é que, na prática, as equações de *ML* e *REML* são resolvidas sujeitas à restrição de não negatividade, enquanto a teoria *I-MINQUE* / *I-MIVQUE* (versões iterativas) permite estimativas negativas. Também como já mencionado, sob normalidade, os estimadores *MINQUE* equivalem aos *MIVQUE*. Acrescenta-se que as estimativas *MIVQUE* podem ser obtidas através das equações

REML, sem iteração (tomando-se, por exemplo, as estimativas *ANOVA* como valores *a priori*, obtêm-se as estimativas *MIVQUE(A)*). E, como informam Lopes *et al.* (1993), embora os *BLUE's* de *ML* e *REML*, pressupondo normalidade, sejam os mesmos fornecidos pelo método dos quadrados mínimos, na estimação de componentes de variância apenas as estimativas *REML* o são.

Verneque (1994) apresenta uma ampla revisão sobre métodos de estimação de componentes de variância, mostrando, inclusive, as derivações do método *REML*. Segundo o autor, este procedimento tem sido nitidamente preferido para conjuntos de dados desbalanceados, atribuindo-se esta preferência às propriedades estatísticas desejáveis de seus estimadores: consistência, suficiência, eficiência, não negatividade, aproximações bem definidas, variâncias amostrais menores do que outros estimadores e por serem assintoticamente normais. Searle *et al.* (1992) também confirmam que, genericamente, em estudos comparativos, a máxima verossimilhança tem sido a metodologia favorecida, com destaque para *REML*.

Por outro lado, para a obtenção de componentes de variância através de máxima verossimilhança, somente em alguns poucos casos balanceados existem fórmulas explícitas para a solução dos sistemas de equações. Assim, como já mencionado, o processo de resolução destes sistemas (*ML* e *REML*), via de regra, deve ser numérico e iterativo, exigindo valores iniciais para os referidos componentes. O sistema estatístico *SAS*, por exemplo, inicia o processo com os valores de componentes estimados pelo método *MIVQUE-0* (SAS Institute, 1997). Para alguns autores isto ainda representa uma limitação, bem como a necessidade de avaliar os efeitos de uma atribuição particular de valores iniciais (Gonçalves, 1984). Ademais, os estimadores *ML* e *REML*, em geral, são obtidos sob a suposição de normalidade dos efeitos aleatórios, o que nem sempre é satisfeito.

Outra questão que se levanta, com frequência, dirigida principalmente para os procedimentos derivados do método dos momentos (ex: método *ANOVA*), é o fato de, ocasionalmente, resultarem estimativas negativas dos componentes de variância (parametricamente não negativos). Assim, a não negatividade é comumente tratada na literatura como uma propriedade desejável de um método de estimação. Por outro lado, Ghosh (1996) prova a inexistência de estimadores de componentes de variância não viesados e não negativos, em modelos lineares mistos. Ou seja, imposta a restrição de não negatividade, as estimativas obtidas são viesadas. Rao & Kleffé (1988) também reportam este fato. Isto pode explicar, em parte, certa tendenciosidade dos estimadores de máxima verossimilhança.

Nos estudos de genética e melhoramento, muitas vezes, a imparcialidade é fundamental, haja vista a costumeira estimação pontual de ganhos esperados com a seleção. Lamote (1973)

também já havia demonstrado que, somente o componente associado ao *erro* pode desfrutar, simultaneamente, das duas propriedades (não tendenciosidade e não negatividade). E, da mesma forma, Rao (1972) informa que as estimativas *MINQUE* de componentes individuais, não viesadas por construção, também podem ser negativas, embora em combinações de componentes individuais esta possibilidade seja bastante baixa.

Seraphin (1984) comparou estimadores de componentes de variância em dois modelos genético-estatísticos: aleatório de classificação hierárquica e misto fatorial com interação. Adotou os métodos: *Henderson-3*, *ML* e *MIVQUE*. Como critérios de comparação, usou o erro quadrático médio, o tempo gasto em processamento computacional, os valores mínimo e máximo, o número de estimativas negativas e o de experimentos em que não houve convergência. O autor indicou o método *MIVQUE* pela sua rapidez e eficiência. Constatou também que o método *ML*, apesar de mais eficiente, mostra tendenciosidade e problemas de convergência e de tempo. Ademais, concluiu que a eficiência dos métodos é maior quando a relação entre variâncias (σ_i^2 / σ_e^2) é igual a 0,25 e os dados são balanceados.

Com orientação similar, Valério Filho (1991) comparou, por simulação, os estimadores *ANOVA*, *ML*, *REML* e *MIVQUE* (todos disponíveis no sistema *SAS*). Adotou os modelos mistos com dois fatores: *i*) cruzado sem interação; e *ii*) hierárquico. Como critérios de comparação, usou também o erro quadrático médio e o valor absoluto do viés. O autor concluiu que, para conjuntos balanceados, os métodos se equivalem. Todavia, sob desbalanceamento, o método *MIVQUE* mostrou-se inferior. E, para a estimação de componentes específicos (fator aleatório ou resíduo), nos dois tipos de modelos, o método *REML* esteve sempre entre os de melhor desempenho.

Usando os mesmos métodos e critérios do trabalho anterior, Swallow & Monahan (1984) chegaram a conclusões diferentes, num modelo aleatório com fator único e dados desbalanceados: *i*) para estimar o componente associado ao resíduo, todos os métodos foram pouco tendenciosos, exceto *MIVQUE(0)*, especialmente quando $\sigma_i^2 / \sigma_e^2 \geq 1$; *ii*) para estimar o componente associado ao fator aleatório (σ_i^2), quando $\sigma_i^2 / \sigma_e^2 < 0,50$, o método *ML* mostrou excelente desempenho, mas, em casos contrários, os estimadores *ANOVA*, *MIVQUE(A)* e *REML* foram superiores; *iii*) os estimadores *ANOVA*, familiares e de fácil determinação, mostraram-se adequados, exceto sob desbalanceamento severo e $\sigma_i^2 / \sigma_e^2 > 1$; e *iv*) o método *MIVQUE(A)* mostrou-se sempre adequado, enquanto *MIVQUE(0)* deve ser escolhido somente quando se tem confiança de que σ_i^2 é muito baixo ($\sigma_i^2 \cong 0$).

Nos delineamentos aumentados, os estudos avaliando métodos de estimação de componentes de variância são bastante raros. Num deles, Gonçalves (1984) comparou os métodos *Henderson-3*, *ML*, *REML* e *MIVQUE(0)*, em blocos completos aumentados. A autora considerou os efeitos de testemunhas como fixos e os demais como aleatórios (blocos e tratamentos adicionais). O desempenho dos estimadores baseou-se em medidas de tendenciosidade, erros quadráticos médios e nos coeficientes de variação. De uma maneira geral, o método *ML* esteve sempre entre os melhores, especialmente quando se aumentou o tamanho dos experimentos. Além disso, o método 3 de Henderson geralmente mostrou-se inferior aos demais quando a variância genética foi igual ou superior a ambiental ($\sigma_g^2/\sigma_e^2 \geq 1$).

É mister acrescentar alguns outros aspectos metodológicos utilizados nesse conjunto de trabalhos. A maioria dos estudos comparando estimadores de componentes de variância faz uso de simulações em computador. Assim, informações acerca da atribuição de valores paramétricos, bem como alguns detalhes computacionais são de grande valia para futuros usuários. Do ponto de vista computacional, priorizaram-se aqui as informações relacionadas ao sistema *SAS*, tanto para a simulação como para a análise dos dados. Pereira Neto (1994) apresenta um programa, em linguagem *SAS*, bastante útil aos interessados nesse tipo de estudo.

Seraphin (1984) gerou dados de produtividade de feijão para 120 experimentos, de 200 observações cada, com e sem balanceamento. Adotou ainda duas relações de variâncias (σ_i^2/σ_e^2): 0,25 e 4,00. Para isto, fez uso também do sistema *SAS* e, em especial, das funções ‘*normal*’ e ‘*rannor*’ de geração de variáveis aleatórias normais. Em cada experimento, considerou os efeitos aleatórios com média zero e variâncias definidas nas relações, modificando-se as *sementes* (marco para o início da simulação) na geração de cada efeito. As *sementes* são números inteiros arbitrariamente escolhidos (adotou de 5 a 7 dígitos), tendo sido diferentes dentro de um experimento, mas constantes de um experimento para outro, sob o mesmo modelo. O sorteio de parcelas vazias, para fins de desbalanceamento, foi feito com a função ‘*uniforme*’: `int(200*uniform(“seed”))`. E, para a análise estatística, utilizou o *PROC VARCOMP* com suas opções ‘**type1**’ (método *ANOVA*), ‘**mivque0**’ (opção *default*) e ‘**ml**’.

De maneira semelhante, Valério Filho (1991) utilizou um programa *SAS* para simular dados experimentais, sob quatro valores de variância associada ao fator aleatório (0,25; 1,00; 4,00; 9,00) e variância *unitária* para o resíduo. Para a simulação o autor usou apenas a função ‘*rannor*’ e para a análise estatística, fez uso também do *PROC VARCOMP*, associado às opções: ‘**type1**’, ‘**ml**’, ‘**reml**’ e ‘**mivque0**’.

Os principais critérios usados para avaliar a qualidade dos estimadores de componentes de variância são, de fato, o *viés* e o *erro quadrático médio (eqm)*, definidos como: $viés = E(\hat{\theta}) - \theta$; e $eqm = E(\hat{\theta} - \theta)^2$. O valor absoluto do *viés* avalia a posição das estimativas produzidas por um estimador ($\hat{\theta}$) em relação ao verdadeiro parâmetro (θ), enquanto o *eqm* mede a dispersão destas estimativas em torno do parâmetro. Valores de baixa magnitude para ambos os critérios indicam uma boa qualidade do estimador (Valério Filho, 1991). Na prática, aspectos relacionados à eficiência computacional do processo de estimação são também importantes; embora isso, muitas vezes, seja mais uma propriedade do algoritmo de cálculo do que do estimador em si.

Recentemente, tem sido sugerida a substituição do *eqm* como medida da dispersão das estimativas produzidas por um estimador de componente de variância (Sundberg, 1994; Zamora & Pascual, 2000). É fácil verificar que o valor do *eqm* cresce com o aumento do valor absoluto do *viés* e isto, de fato, não é desejável. Sundberg (1994) apresenta, então, como critério universal para a escolha entre estimadores de variância, o chamado *erro quadrático médio do erro de predição*, dado por: $E\{[(\hat{\theta} - \theta)^2 - v]^2\}$; sendo v um estimador da variância $V = E(\hat{\theta} - \theta)^2 = eqm$.

5. VARIABILIDADE ESPACIAL EM EXPERIMENTOS AGRÍCOLAS

5.1. Considerações gerais

Ao tratar-se da aplicação dos delineamentos aumentados no melhoramento vegetal não se pode deixar de referir ao problema do pequeno tamanho de parcelas, próprio das fases preliminares dos programas de seleção. A pouca disponibilidade de material de propagação para cada novo genótipo a ser avaliado, não só obriga o melhorista a reduzir o número de repetições, mas também a adotar parcelas de apenas uma ou duas fileiras de plantas e sem bordadura. Isto, associado à costumeira alocação sistemática dos cultivares testemunhas e/ou de grupos de progênies aparentadas, pode comprometer a suposição de independência entre observações sobre a qual se assenta a abordagem analítica tradicional. As implicações disso e algumas propostas alternativas para lidar com esse tipo de problema são revisadas nesta seção.

É de conhecimento geral que os delineamentos clássicos são baseados em três conceitos, *repetição*, *casualização* e *controle local* (blocagem). O controle local ajuda a reduzir a variação residual e o uso de repetições permite uma precisa estimação dos parâmetros. Garantidos estes dois princípios, a eficiência dos estimadores de contrastes de tratamentos, segundo Cressie (1993), fica

na dependência apenas da variação do *erro*. À casualização cabe neutralizar os efeitos da correlação espacial e, então, produzir uma análise de variância válida (estimativa imparcial do *erro*), já dizia Yates, em 1938. Por isso, as posições dos tratamentos (configuração espacial) no mapa de campo podem ser ignoradas na abordagem tradicional. Contudo, em experimentos com parcelas muito estreitas e/ou com tratamentos distribuídos sistematicamente, não se pode mais garantir tal validade, a menos que uma modelagem menos restritiva seja introduzida. Desta forma, a referida eficiência não dependerá apenas da variação residual, mas também das posições das parcelas a que foram alocados os tratamentos. Cressie (1993) considera, portanto, natural o interesse por delineamentos e métodos de análise que levam em conta as posições do espaço de onde os dados originaram.

Pode-se acrescentar que a recomendação clássica de controle da variação local através de blocagem é inadequada para lidar com problemas de gradiente. Delineamentos como blocos incompletos são muito úteis, mas é evidente que eles não permitem uma avaliação completa dos efeitos espaciais. Além disso, variabilidades oriundas durante o curso da experimentação continuam inflando o quadrado médio residual. Nos experimentos agrícolas, as medidas realizadas sobre caracteres como a produtividade de grãos estão sujeitas a muitas influências que podem aumentar o ruído contido na informação (dados são compostos de um sinal ou padrão e um ruído), entre as quais pode-se citar: variabilidade do solo não expressa no estágio de planejamento, ataques de insetos em direções preferenciais, desenvolvimento de doenças a partir de focos ou reboleiras, etc. Assim, mesmo que se tomem os cuidados experimentais rotineiros, variáveis não controladas podem aparecer e afetar o ensaio a ponto de os efeitos de tratamentos serem tomados com um baixo grau de confiança (Eisenberg *et al.*, 1996).

De acordo com Gusmão (1986), três são os aspectos necessários para se usufruir das vantagens da blocagem e permitir testes de hipóteses corretos: *i*) homogeneidade dentro dos blocos; *ii*) heterogeneidade entre blocos; e *iii*) nenhuma interação entre tratamentos e blocos. Na prática, porém, mesmo em campos experimentais bem conhecidos, é difícil alcançar conjuntamente as duas primeiras condições. Logo, em boa parte dos casos, não se pode aceitar a suposição de baixa correlação espacial entre parcelas dentro de blocos. Ademais, a análise tradicional pressupõe ausência de interação ‘tratamentos x blocos’ (uma idêntica classificação dos tratamentos em todos os blocos). Isto também dificilmente ocorre, sobretudo quando se trata de genótipos e ambientes. Por razões como estas o autor conclui pela inadequação do uso da blocagem, por si só, nos ensaios de competição de genótipos: “blocar não representa mais do que uma tentativa de concentrar diferenças ambientais em um efeito principal removível”. E acrescenta: “Ronald A. Fisher já

afirmava que uma peculiaridade dos experimentos agrícolas está no fato de que as áreas escolhidas são notadamente heterogêneas, no sentido de que a fertilidade do solo varia de uma forma sistemática dentro delas e, freqüentemente, de maneira complexa de um ponto a outro”.

Seraphin (1992) também argumenta que, nos experimentos agrícolas (especialmente na área de melhoramento de plantas), as parcelas, em geral, consistem de umas poucas linhas dispostas espacialmente na área experimental. Assim, se o campo for uniforme, os dados tomados em parcelas individuais são espacialmente independentes. Contudo, há bastante tempo tem-se reconhecido que os campos raramente são uniformes. Logo, dado o arranjo espacial das parcelas, suas respostas devem mostrar padrões de associação, ou seja, parcelas mais próximas provavelmente apresentem respostas mais similares do que aquelas mais separadas (referência do autor a Student, 1923). E, a principal causa desta associação origina-se de padrões subjacentes à variabilidade entre parcelas, como por exemplo os devidos a gradientes de fertilidade.

Eisenberg *et al.* (1996) confirmam que, de fato, um grande número de fatores pode atuar independentemente ou de forma interativa para criar variação espacial (de posição) não controlada nos ensaios de campo. Esta variação, que pode tomar a forma de gradientes ou manchas irregulares na área experimental, não afeta os tratamentos ao acaso. Por isso, o estudo desse tipo de variação tem recebido atenção especial no contexto de ensaios delineados para o teste de grande número de genótipos, em vários países (Japão, Austrália, Inglaterra, Alemanha, EUA, França, África do Sul, entre outros). Segundo os autores, duas razões especiais justificam a atenção para o fenômeno, bem como para os métodos que possibilitam ajustar as médias de tratamentos para efeitos de posição: *i)* populações grandes, demandadas pelo melhoramento de plantas moderno, que requerem áreas extensas e aumentam a chance de a variação local intervir no experimento; e *ii)* custos elevados das pesquisas agrícolas e da experimentação de campo, que exigem exames cuidadosos dos ensaios, de forma a maximizar o uso da informação gerada.

Neste contexto, Brownie *et al.* (1993) argumentam que uma forma usual de buscar maior precisão nos ensaios em blocos, com grande número de tratamentos, é a redução do tamanho dos blocos. Entretanto, uma outra abordagem é a adoção de um método de análise que utilize a informação da posição da parcela no experimento, para estimar e corrigir para a variação espacial. Esse tipo de análise pode ser aplicado alternativamente ou em complementaridade às análises tradicionais de blocos completos ou incompletos. Assim, muitos artigos têm focado a melhoria da eficiência dos ensaios através de uma análise que inclui a estimação da variabilidade espacial inerente ao potencial de resposta das parcelas.

Segundo Journel, citado por Ribeiro Júnior (1995), dados espaciais ou de *variáveis regionalizadas* apresentam duas características básicas: *i)* apenas um dado em cada posição; e *ii)* dados de posições diferentes são dependentes. O autor entende também que a dependência espacial não é uma inconveniência estatística, mas um verdadeiro benefício que pode informar sobre locais não amostrados a partir dos dados tomados em posições próximas aos pontos desejados. Daí a importância de uma abordagem que leve em conta a dependência espacial. Ribeiro Júnior (1995) reporta ainda Cressie (1991), que mostra os efeitos da autocorrelação espacial em problemas de estimação, predição e de delineamentos experimentais, acrescentando que a detecção da estrutura de autocorrelação e o uso desta informação na análise estatística garantem estimativas mais eficientes dos contrastes de tratamentos. Por outro lado, sua desconsideração pode impedir que diferenças reais sejam levantadas.

A despeito das reais vantagens da abordagem espacial, é preciso reforçar que a validade da análise tradicional não requer variabilidade aleatória, com pouca ou nenhuma correlação espacial. Brownie *et al.* (1993) informam que, assumindo apenas efeitos aditivos, a casualização assegura que as diferenças entre dois tratamentos, em média (sobre todos os possíveis arranjos), sejam estimadas sem viés, mesmo na presença de heterogeneidade e tendências sistemáticas dentro de blocos. Contudo, uma heterogeneidade substancial dentro de blocos resulta em estimativas altamente variáveis, de forma que um método não tradicional de análise pode ser introduzido para melhorar a qualidade das estimativas. Grondona *et al.* (1996) complementam que, embora a abordagem clássica baseada na teoria da casualização possa neutralizar a correlação espacial, em geral, esta é menos eficiente do que os modelos espaciais; e, estudos de simulação e de randomização de ensaios de uniformidade têm mostrado que as abordagens espaciais, usualmente, estimam contrastes varietais com maior precisão do que as análises tradicionais baseadas em observações não correlacionadas.

É oportuno esclarecer que outras formas de dependência são ainda introduzidas pelos próprios tratamentos, por exemplo, *competição* entre plantas de parcelas vizinhas (Seraphin, 1992). Este fenômeno, mais genericamente referido como *interferência* (Kempton, 1997), embora não seja tratado no campo da análise espacial de dados, será aqui brevemente considerado em razão do anseio natural pela modelagem simultânea dos dois processos.

Em síntese, é intuitiva a noção de que unidades experimentais próximas devam exibir respostas similares, a despeito dos tratamentos a elas aplicados. Como também o é a noção de que, após esta aplicação, pode surgir dependência entre observações, resultante da interferência entre

tratamentos de parcelas vizinhas, sobretudo as adjacentes. Apesar disso, surpreendentemente, pouco se sabe sobre os padrões espaciais com que os pesquisadores têm se contentado ao adotar as análises tradicionais (Eisenberg *et al.*, 1996).

Diante dessas preocupações, nos últimos vinte anos, uma grande quantidade de métodos tem sido proposta no sentido de combinar as duas abordagens, convencional e espacial. É bem verdade que estes procedimentos não têm ganhado a aplicabilidade que deveriam, em grande parte devido às dificuldades operacionais de sua aplicação. Gleeson (1997), após demonstrar a necessidade da aplicação dos modelos espaciais na análise estatística de experimentos agrícolas, reconhece que sem um *software* apropriado isto torna-se realmente bastante difícil.

Brownie *et al.* (1993) sugerem que, para motivar essa nova abordagem, é necessário supor um ensaio com uma heterogeneidade espacial considerável e que o valor do potencial de resposta de cada parcela (ex: fertilidade do solo) seja conhecido. Uma análise eficiente, ao certo, deveria fazer uso destes valores e, em função deles, ajustar as respostas observadas de cada parcela antes de se obter estimativas de diferenças entre tratamentos. Na prática, porém, este potencial é desconhecido. Mas, ainda assim, os autores entendem ser razoável considerar a estimação conjunta dos gradientes de fertilidade e dos efeitos de tratamentos.

Neste contexto, Eisenberg *et al.* (1996) distinguem duas etapas na implementação da abordagem analítica espacial: *i*) o diagnóstico sobre a presença ou não de padrão significativo de variabilidade espacial; e *ii*) a aplicação dos procedimentos analíticos que levam em conta a estrutura de dependência entre parcelas vizinhas. Littell *et al.* (1996) referem-se a estas duas etapas como *caracterização* e *ajustamento*, respectivamente. A primeira envolve a estimação dos parâmetros da covariância espacial e a construção de mapas; e a segunda, a remoção dos efeitos da correlação espacial e a obtenção de estimativas de maior eficiência (ex: médias e contrastes de tratamentos). Deve-se informar que estas etapas têm sobretudo um significado didático, haja vista que alguns métodos implementam-nas simultaneamente. O objetivo das seções a seguir é fazer uma revisão sobre estes tópicos.

5.2. Diagnosticando a presença de variabilidade espacial

Na fase de diagnóstico procura-se estimar as *leis de erros* que determinam os padrões da variabilidade espacial. O conhecimento destas leis garante informações úteis para melhorar o delineamento e a análise estatística dos ensaios (Seraphin, 1992). Por muito tempo, os ensaios de uniformidade (experimentos em que um só tratamento é aplicado) representaram a matéria-prima no desenvolvimento das primeiras técnicas para reduzir variabilidade experimental. Entretanto, normalmente não se dispõe de recursos para implementá-los e os seus resultados só se prestam para cada experimento em particular. Assim, atualmente tem-se procurado examinar a estrutura de correlação espacial entre parcelas do campo experimental, na presença de tratamentos; ou seja, procura-se estimar o *ensaio de uniformidade* (ou *em branco*) subjacente a cada experimento. Antes disso, entretanto, é necessário avaliar a presença ou não de estruturação espacial significativa nas observações experimentais (independentemente dos tratamentos correspondentes).

A literatura apresenta algumas medidas estatísticas que permitem diagnosticar a presença de gradientes de variabilidade em experimentos. Segundo Eisenberg *et al.* (1996), esta etapa constitui o passo inicial que levará ou não ao emprego de uma análise corretiva. Uma dessas estatísticas é a razão entre duas variâncias (*variância relativa*): o quadrado médio (QM) do erro da análise usual e a chamada *variância de referência*. Esta vem a ser o QM do erro obtido após reagrupar as parcelas em blocos de tamanho dois (supostamente resultantes em menor erro experimental). Uma vez que os dados originais, normalmente, não se referem a experimentos de uniformidade, os autores aconselham utilizar os resíduos, após a subtração dos efeitos estimados de tratamentos. Assim, a *variância relativa* é obtida com os QM_{Erro} 's de duas análises de variância aplicadas a estes resíduos (uma com blocos originais e outra com blocos de tamanho dois), cujas fontes de variação são *blocos* e *erro*. Enfim, o valor da variância relativa é um indicativo da sensibilidade do ensaio para efeitos espaciais. Warren & Mendez, citados por Eisenberg *et al.* (1996), definiram como sensíveis os ensaios cujos valores ficaram acima de 1,4.

Outra medida de informação similar é o *coeficiente de correlação intraclass* ($\rho = \sigma_t^2 / \sigma_y^2$). Um valor baixo de ρ indica que os tratamentos são ordenados diferentemente de um bloco para outro, o que pode ser devido a um gradiente de fertilidade (Eisenberg *et al.*, 1996). Logicamente, para esse tipo de avaliação deve-se ajustar o modelo completo ($Y_{ij} = \mu + b_j + t_i + e_{ij}$), suposto aleatório. Os autores recomendam ainda a confecção e inspeção de diagramas de sinais e de isolinhas (ou de contorno), construídos com os resíduos do ajuste do modelo usual. Nesse tipo de

gráfico, é possível identificar zonas da área experimental em que predominam erros residuais positivos ou negativos, bem como a formação de *vales*, *depressões* e/ou *montanhas*. Todas estas configurações descaracterizam uma condição de independência entre os erros.

A geoestatística é uma área do conhecimento que se desenvolveu bastante nos últimos anos, principalmente com estudos de avaliação da variabilidade espacial em condições naturais. Por isso foi dado, nesta revisão, um tratamento especial aos conceitos e técnicas estatísticas aplicadas a este campo de estudo. Nos experimentos, a aplicação de tratamentos às parcelas, de certa forma, parece descaracterizar o ambiente natural. Entretanto, os resíduos do ajuste de um modelo usual de delineamento podem, muito bem, simular estas condições. De forma que os instrumentos estatísticos aplicados a esses estudos podem ser perfeitamente utilizados para avaliar a suposição de independência entre observações experimentais. Além disso, resultados desse tipo de avaliação têm sido utilizados para orientar a definição de tamanhos de parcelas e de blocos. Hamakawa (1991) constatou, em feijoeiro, que as variáveis de produção analisadas (produtividade de grãos, massa total da parte aérea, massa de grãos secos, massa de folhas secas e área foliar) apresentaram dependência espacial significativa. A partir de certos resultados o autor propôs, então, um tamanho ideal de parcelas para experimentação com feijoeiro, na área geográfica avaliada.

Na abordagem geoestatística, a estrutura de variabilidade é comumente avaliada por meio dos chamados *semivariogramas* ou simplesmente *variogramas*. Esta preferência em relação aos covariogramas ou correlogramas pode ser explicada pelo fato de os semivariogramas exigirem hipóteses de estacionariedade menos restritivas e, portanto, abrangerem um universo maior de situações (Ribeiro Júnior, 1995). O semivariograma representa uma função de semivariâncias em relação às suas respectivas distâncias. A semivariância é definida como: $\frac{1}{2}Var[Z(s+h) - Z(s)]$; ou seja, é a metade da variância de diferenças entre observações, numa variável aleatória Z , separadas por uma distância h . Assim, valores baixos indicam menor variabilidade (maior similaridade). Entre os vários estimadores de semivariâncias, o mais utilizado é o estimador clássico de Matheron, baseado no método dos momentos (Vieira, 2000):

$$S(h) = \frac{1}{2N(h)} \sum_{N(h)} [Z(s+h) - Z(s)]^2.$$

em que: $N(h)$ é o número de pontos ou diferenças $[Z(s+h) - Z(s)]$ tomadas à distância h , com $Z(s)$ representando a observação realizada na posição s e $Z(s+h)$, aquela na posição $s+h$.

Para malhas regulares, como é o caso dos experimentos, o semivariograma amostral é obtido conforme os passos a seguir: 1) fixa-se uma distância h ("lag"); 2) formam-se todos os pares

de pontos separados pela distância h ; 3) aplica-se a expressão do estimador para obter a semivariância associada à distância h ; 4) toma-se outra distância ou *lag* e repetem-se os passos de 1 a 3, o que é feito até uma distância máxima de interesse (com razoável número de pontos); 5) num gráfico, com distâncias no eixo X e semivariâncias no eixo Y, plotam-se, então, os pontos correspondentes às distâncias tomadas e as respectivas semivariâncias estimadas. Este gráfico representa o chamado *semivariograma* amostral (Ribeiro Júnior, 1995; Vieira, 2000).

O semivariograma amostral, na realidade, não é suficiente para descrever o padrão de variabilidade em toda a área, pois contém estimativas de semivariâncias apenas para algumas distâncias. A chamada interpolação por *krigagem*, sim, permite conhecer a resposta em qualquer ponto no interior da área, baseando-se na estimativa da estrutura de dependência entre vizinhos. Entretanto, para isso é necessário ajustar uma função contínua de semivariograma, a partir do semivariograma amostral discreto. Esse tipo de função deve satisfazer certas suposições como: *i*) a função inicia-se na origem, ou seja, admite-se similaridade absoluta à distância nula (os semivariogramas amostrais nem sempre mostram este comportamento, apresentando o chamado *efeito pepita* (C_0): semivariância para a menor distância observada); *ii*) valores separados por distâncias menores apresentam uma maior associação entre si (menores semivariâncias), de modo que a função nunca decresce; *iii*) na maior parte dos casos, admite-se ainda não haver mais associação além de uma determinada distância, denominada *alcance* (a), a partir da qual a semivariância, máxima, passa a ser constante (C_1) determinando-se um *patamar*. À diferença entre C_1 e C_0 denomina-se *contribuição* ou *sill* (do inglês), o que constitui também um dos parâmetros usuais no ajuste de semivariogramas (Ribeiro Júnior, 1995; Littell *et al.*, 1996; Vieira, 2000).

Neste sentido, a informação relativa às menores distâncias é mais importante do que aquela referente às maiores distâncias. Isto faz com que o modelo deva se ajustar bem, especialmente para os pontos iniciais do semivariograma, o que de certa forma reduz o valor de um ajuste por *quadrados mínimos*, em favor do chamado ajuste “a sentimento”. Os programas computacionais de ajuste de semivariogramas costumam apresentar algumas alternativas de modelos como: *linear*, *linear com patamar*, *exponencial*, *esférico*, *gaussiano* e *potência*. Os modelos são ajustados, usualmente, atribuindo-se valores arbitrários aos parâmetros (a , C_1 e C_0) de algumas destas funções (no caso de experimentos deve-se assumir $C_0=0$), buscando-se, em princípio, um melhor ajuste visual. Em seguida, modelos ajustados desta forma são postos à prova através de *validação cruzada*, de maneira a buscar modelos cada vez melhores (Ribeiro Júnior, 1995).

Outro conceito importante quando se fala em diagnosticar variabilidade espacial é o de *isotropia* (e *anisotropia*). Não é fato que o padrão de variabilidade seja sempre o mesmo em todas as direções para as quais as distâncias forem tomadas. Mas, se o for, o fenômeno é dito *isotrópico* e o semivariograma correspondente é chamado *omnidirecional*. Em caso contrário, o fenômeno é dito *anisotrópico* e serão necessários, pelo menos, dois modelos de semivariogramas *direcionais* para descreverem adequadamente o padrão de variabilidade espacial característico da área em estudo. Para avaliar este aspecto, recomenda-se estimar o variograma geral (*omnidirecional*), com informações de todas as direções, e em seguida, obter variogramas para diferentes direções. Sob *isotropia*, o semivariograma *omnidirecional* e os *direcionais* não apresentam diferenças relevantes, indicando que a área de influência de uma amostra (parcela) é circular. Já na presença de *anisotropia*, estes variogramas não se assemelham (Ribeiro Júnior, 1995).

Uma vez escolhida a função contínua de variograma(s), característica da estrutura de variabilidade presente, a *krigagem* pode ser aplicada, permitindo predizer a resposta em qualquer outro ponto não amostrado no interior da área geográfica. Essa técnica corresponde a um interpolador (ou preditor) que pondera, diferentemente, a informação dos vizinhos, conforme o padrão de variabilidade espacial descrito pelo modelo de variograma. Uma propriedade interessante deste preditor é que vizinhos agrupados contribuem relativamente menos do que aqueles isolados. A partir destes resultados é possível, então, construir mapas de superfícies e diagramas de contorno ou mapas de isolinhas, que descrevem o fenômeno de interesse (no contexto do presente estudo, a variabilidade espacial subjacente a um experimento de campo).

Embora uma maior ênfase tenha sido dada aos métodos geoestatísticos de detecção da variabilidade espacial, além de medidas como variância relativa e coeficiente de correlação intraclasse, muitos outros instrumentos são disponíveis. Os métodos gráficos e os testes estatísticos desenvolvidos para avaliar a autocorrelação ou a correlação serial de resíduos, em análise de regressão, especialmente os aplicados às séries temporais, certamente podem ser adaptados para avaliar correlação espacial. Assim, são também passíveis de utilização: os gráficos de resíduos, o teste da ordenação casual, o teste χ^2 de independência dos resíduos e o teste de Durbin-Watson (Hoffmann, 1991; Hoffmann & Vieira, 1998; Gujarati, 1992; SAS Institute, 1993a).

5.3. Alguns métodos de análise espacial de experimentos

Segundo Vivaldi (1990), os métodos clássicos de análise de experimentos têm sido usados com sucesso por várias décadas e, para muitas situações, continuam imbatíveis. Contudo, como já comentado, em alguns contextos estes não produzem a eficiência esperada, uma vez que o modelo usual de análise é demasiadamente restritivo, podendo não corresponder à realidade. Dessa forma, diversas alternativas de análise têm sido sugeridas, baseadas numa abordagem *espacial* ou no chamado *princípio de vizinhança*. Esses métodos tentam levar em conta o efeito da heterogeneidade espacial (similaridade entre respostas de parcelas vizinhas) na estimação dos contrastes de tratamentos (Zimmerman & Harville, 1991; Kempton *et al.*, 1994). Gleeson (1997) comenta que um dos interesses pela análise espacial de experimentos surge do fato de as estimativas obtidas (de tratamentos e erros) fiarem-se no modelo de erros escolhido, o qual pode não refletir a realidade. Assim, é também importante verificar a adequação de modelos espaciais alternativos.

O trabalho pioneiro em utilizar o princípio de vizinhança é atribuído a Papadakis (1937). O autor recomendou o uso da correlação entre parcelas vizinhas como uma alternativa ao uso de blocos. O método de Papadakis consiste em corrigir a observação de cada parcela (variável resposta) pelo efeito médio (no experimento) do tratamento aplicado, utilizando-se, em seguida, a média dos valores corrigidos das parcelas vizinhas como covariável para uma análise de covariância usual. A idéia da análise de covariância está presente também nos métodos *das médias móveis* e *dos blocos móveis*. Em ambos, a observação de cada parcela é corrigida pela média dos valores das parcelas vizinhas, sendo que, no primeiro método, o valor da parcela em foco não compõe a referida média, enquanto no segundo, sim, determinando a idéia de bloco (Vivaldi, 1990).

Apesar de alguns estudos teóricos adicionais (Williams, 1952; Bartlett, 1978; Kempton & Howes, 1981), os métodos de análise espacial somente voltaram a atrair maior interesse após a estimulante discussão no artigo de Wilkinson *et al.* (1983). Estes autores comentam uma possível tendenciosidade relacionada ao método de Papadakis, propondo modificações e delineamentos alternativos semi-sistemáticos (blocos móveis), com balanceamento em relação aos vizinhos.

Embora não haja uniformidade de idéias quanto à eficiência do método de Papadakis, os estudos comparativos deixam-no numa posição, pelo menos, de igualdade em relação a vários outros. Por exemplo, no trabalho de Vivaldi (1990), com experimentos simulados, o método mostrou ser o mais eficiente comparado aos métodos de *médias móveis* e de *blocos móveis*, especialmente na presença de tendências lineares. Pearce (1998) também reconsiderou-o,

concluindo que a suspeita de viés não se justifica. O autor apenas sugeriu uma melhoria no cálculo do valor da covariável.

Um aspecto que já fora polêmico quando se tratava do método de Papadakis, refere-se ao uso ou não de controle local (blocos, linhas, colunas) concomitante. Atualmente, o consenso ainda não parece estabelecido. Em Wilkinson *et al.* (1983), o professor S.C. Pearce comenta que, se existir um padrão nítido de fertilidade na área, os blocos podem ser bem escolhidos e a variância do erro será diminuída, mas, o método de Papadakis será igualmente bom. Contudo, se os blocos forem mal escolhidos, o que é sempre possível, o controle local não será efetivo, enquanto a abordagem de parcelas vizinhas continua podendo realizar algum controle. Assim, o autor recomenda que se escolha uma entre as duas abordagens, mas não as utilizem conjuntamente. Finalmente, em Pearce (1998), o autor conclui: quanto mais elaborado for o controle local escolhido (blocos, linhas e colunas), se tal estratégia falhar, piores serão as suas conseqüências. Já o método de Papadakis terá sempre a vantagem comparativa de consumir poucos graus de liberdade.

Uma proposta de Federer (1998), para a análise de blocos incompletos com recuperação de informações interblocos e intergradientes (dentro de blocos), tem princípio semelhante ao método de Papadakis. A diferença fundamental está em considerar os efeitos de gradientes somente dentro de blocos, além disso, estes efeitos são também admitidos como variáveis aleatórias, assim como os de blocos. Dessa forma, o autor adota a abordagem de modelos mistos. Neste contexto, justifica-se a adoção de um modelo mais amplo, que inclua o(s) efeito(s) de controle local (blocos ou linhas e colunas) e os efeitos aleatórios de gradientes intrablocos (ou intralinhas e/ou intracolunas). O autor refere-se ao modelo como uma proposta que combina *análise de blocos* e *análise espacial*.

Uma série de outros métodos, baseados no princípio da vizinhança, tem sido formulada para ensaios como os testes varietais. Os modelos, denominados *modelos com erros nas variáveis*, em geral, levam em conta um efeito de *tendência* (ξ) mais um *erro* (e) independente. E, em síntese, a diferença entre os métodos está sobretudo na modelagem e estimação do efeito de tendência (Loo-Dinkins, 1992; Pithuncharunlap *et al.*, 1993).

Gleeson & Cullis (1987) assumem que a correlação espacial é causada pela tendência ξ , a qual é modelada como um efeito aleatório, ajustado seqüencialmente por um processo auto-regressivo integrado de médias móveis (*ARIMA*). Este processo, em geral, limita-se às chamadas diferenças de primeira ordem, ou seja, somente às diferenças entre observações de parcelas adjacentes. Os erros e são assumidos *i.i.d.* $\sim N(0, \sigma_e^2)$. Esta abordagem, segundo Gleeson (1997),

incorpora a maioria dos modelos mais antigos de análise de vizinhança (Wilkinson *et al.*, 1983; Green *et al.*, 1985; Besag & Kempton, 1986; Williams, 1986).

Cullis *et al.* (1989) estenderam a análise espacial de experimentos repetidos (Gleeson & Cullis, 1987) aos ensaios preliminares de melhoramento, com uma só parcela por genótipo-teste e com variedades testemunhas repetidas (ex: blocos aumentados). Considerando experimentos com alguns tratamentos não repetidos, Kempton & Gleeson (1997) abordam três possibilidades de controle da variação espacial: *i*) utilizando-se somente as parcelas de testemunhas; *ii*) utilizando-se parcelas vizinhas de quaisquer genótipos; e *iii*) ajustando-se um modelo de análise espacial propriamente dito. Nas duas primeiras, as observações são ajustadas *a priori* para eliminar efeitos de autocorrelação espacial, seguindo-se uma análise convencional (ajuste do modelo de delineamento). Na última delas, segundo os autores, as estimativas do padrão de variabilidade e dos efeitos de interesse (ex: contrastes de médias de tratamentos) são obtidas, concomitantemente, com base num modelo de análise menos restritivo e mais realista. A análise pelo modelo de Cullis *et al.* (1989) enquadra-se nesta estratégia de controle.

Os métodos de Gleeson & Cullis (1987) e Cullis *et al.* (1989) são tidos como de ajustamento unidimensional, haja vista as suas indicações para ensaios com parcelas longas e estreitas (correlação espacial apenas entre parcelas adjacentes pelos seus lados maiores). Porém, se o formato das parcelas, e/ou do experimento, for quadrado ou quase isto, a correlação espacial pode ser importante em ambas as direções. E, neste caso, uma análise estatística que considera os efeitos espaciais em uma só dimensão pode não ser a mais eficiente. Por isso, Martin (1990), depois Cullis & Gleeson (1991), estenderam o modelo de Gleeson-Cullis para duas dimensões (linhas e colunas). As suposições acerca de ξ e e , porém, permaneceram inalteradas em ambas as propostas (uni e bidimensional).

De outro modo, Zimmerman & Harville (1991) modelam diretamente o efeito aleatório de parcela ($\xi + e$), de forma que as observações são consideradas, coletivamente, como uma realização parcial de um *campo aleatório*. Nesta abordagem, os efeitos de parcela são assumidos distribuírem-se de acordo com algum modelo de correlação espacial que descreve as tendências locais, análogos aos modelos de variograma usados em geoestatística. Como na maioria dos outros métodos, em síntese, o modelo busca uma estimativa da função geral de covariância (\mathbf{V}), a qual pondera, entre outros resultados, a solução de quadrados mínimos generalizados dos efeitos fixos; solução esta que inclui, neste caso, os efeitos de tratamentos. Segundo Martínez (1994) estes autores, diferentemente do princípio da *vizinhança*, introduziram uma nova abordagem ao problema: “tratam diretamente a

heterogeneidade espacial por uma análise aleatória de ensaios de uniformidade, o chamado *modelo linear de campo aleatório (random field linear model – RFLM)*”.

Na seção anterior, apresentou-se o enfoque geoestatístico utilizado para avaliar o padrão de variabilidade espacial presente numa determinada área. Alguns trabalhos ultrapassam o mero propósito de diagnose, procurando incorporar a estruturação estimada ao processo de estimação de parâmetros relacionados aos tratamentos e à precisão experimental. Grondona & Cressie (1991) basearam a sua análise numa estimação de quadrados mínimos generalizados empíricos (*EGLS*). Neste procedimento, a matriz de covariâncias das observações (\mathbf{V}), que pondera o sistema de equações normais, é obtida diretamente do modelo de semivariograma ajustado; o qual resulta do semivariograma amostral obtido dos resíduos, após a remoção dos efeitos de blocos e de tratamentos. Outros autores sugerem a utilização direta da matriz de semivariâncias ajustadas como ponderador do sistema de equações de quadrados mínimos generalizados (Hoef & Cressie, 1993; Cressie, 1993; Martínez, 1994).

Os métodos de análise de experimentos que utilizam a informação de parcelas vizinhas (*NN Analysis*), em sua maioria, assumem que os efeitos de tratamentos são fixos. Stroup & Mulitze (1991) advertem que, em algumas situações, pode ser interessante modelar tais efeitos como aleatórios e obter os seus *preditores*. Propuseram, então, combinar *estimadores NNA* e *BLUP's*, numa modelagem mista denominada *NNABLUP*. A vantagem imediata é o uso da informação relacionada à variação entre os efeitos de tratamentos (σ_g^2). Os autores demonstraram, num estudo de simulação, a ineficiência comparativa das análises convencionais intrablocos, na presença de efeito de vizinhança. Admitem, no entanto, que a aplicação da abordagem proposta (*NNABLUP*) requer consideráveis recursos computacionais.

Aqui faz-se necessário reportar novamente à proposta de Cullis *et al.* (1989). Neste modelo, contrariamente ao que diz Stroup & Mulitze (1991), embora os efeitos das variedades testemunhas (repetidas) sejam considerados fixos, os efeitos das linhagens-teste (não repetidas) são assumidos aleatórios, além de distribuídos *normalmente* com média zero e variância σ_g^2 (na realidade assumem uma distribuição normal conjunta dos efeitos aleatórios: genótipos-teste, tendência e erro). Ademais, existindo estrutura de famílias, seus efeitos (de famílias) são incluídos no vetor de parâmetros fixos e as linhagens, ainda aleatórias, ficam aninhadas dentro de famílias. Conforme justificam os seus propositores, no contexto dos ensaios preliminares de melhoramento, um dos

objetivos primários é a predição dos efeitos das linhagens experimentais, para o que apresentam a expressão do *BLUP* correspondente.

Mais recentemente, Cullis *et al.* (1998) apresentaram uma proposta de modelo linear misto espacial para a análise de grupos de experimentos, com genótipos-teste repetidos ou não. Dada a orientação para esses ensaios preliminares, a análise produz, simultaneamente, os *BLUP*'s dos efeitos de genótipos e dos efeitos de interação de genótipos com ambientes, bem como as estimativas *REML* dos componentes de variância e dos parâmetros espaciais. A proposta inclui também uma extensão aos modelos bidimensionais de covariância espacial de Cullis & Gleeson (1991).

Outra abordagem recente, com aplicação na análise espacial de experimentos, trata da chamada análise *AMMI* (*additive main effects and multiplicative interaction analysis*). O método é mais difundido para modelar e descrever a interação de genótipos com ambientes. Entretanto, dada a concepção da análise, pode ser aplicado a quaisquer conjuntos de dados passíveis de serem dispostos numa tabela de dupla entrada (Gauch & Zobel, 1996). Logo, o procedimento pode ser útil para o aprimoramento do controle local em delineamentos, subsidiando os métodos estatísticos de análise de experimentos. Tal utilização baseia-se na possibilidade de isolar algum componente sistemático na grade (matriz) que determina a disposição das parcelas no campo experimental (Eisenberg *et al.*, 1996). O procedimento modela os efeitos principais e de interação, seqüencialmente, combinando-se *análise de variância* – *ANOVA* (técnica univariada) e *decomposição por valores singulares* – *DVS* (técnica multivariada). A *DVS* é aplicada à matriz de interações ou matriz de resíduos do ajuste dos efeitos principais por *ANOVA*. O objetivo da análise é decompor a interação de fatores, de maneira que os componentes, estimados sucessivamente, captem cada vez menos atributos sistemáticos. Assim, o *padrão* da interação é descrito especialmente pelos primeiros componentes, relegando aos últimos, predominantemente *ruídos* (Duarte & Vencovsky, 1999).

Em experimentos agrícolas a malha de campo, em geral, tem a característica de uma matriz, permitindo, da mesma forma, a aplicação da metodologia. Logo, após o ajuste do modelo usual de blocos incompletos, os resíduos (\hat{e}_{ij}) referentes a cada parcela são dispostos no mapa de campo e submetidos à análise. O modelo matemático é: $\hat{e}_{ij} = \mu + r_i + c_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij}$; no qual: μ é a média geral, nula; r_i e c_j são os efeitos principais de linhas e colunas, respectivamente; e os demais termos, além do resíduo ρ_{ij} , resultam da *DVS* da matriz de interações (entre linhas e colunas). O

termo de interação ($\sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk}$) é descrito como uma soma de n componentes, cada um resultante da multiplicação de λ_k , expresso na mesma unidade de \hat{e}_{ij} , por um efeito da linha (γ_{ik}) e um efeito da coluna (α_{jk}), ambos adimensionais. O parâmetro λ_k traz uma informação da variabilidade devida à interação, no k -ésimo componente. De forma que a soma dos n componentes reúne a porção mais significativa dessa interação (o padrão) e ρ_{ij} traz uma combinação de ruídos. Eisenberg *et al.* (1996) definiram: $\hat{e}_{(AMMI)ij} = \hat{e}_{ij} - \rho_{ij}$, a parte sistemática do erro experimental contida em cada parcela. Assim, subtraindo-se $\hat{e}_{(AMMI)ij}$ das observações originais ($Y'_{ij} = Y_{ij} - \hat{e}_{(AMMI)ij}$), obtém-se as novas observações (Y'_{ij}) a serem analisadas conforme o delineamento utilizado.

As metodologias anteriormente descritas procuram melhorar a precisão das comparações genóticas controlando-se fontes da variação ambiental, em particular, devida à heterogeneidade do solo. Mas, a interferência entre parcelas vizinhas, em função de seus tratamentos, é uma outra fonte potencial de *erro*, principalmente nos experimentos com parcelas estreitas e sem bordaduras (ex: ensaios preliminares em melhoramento de plantas). Ao contrário dos erros de parcelas oriundos da variação subjacente ao campo experimental, erros de interferência podem levar a um viés sistemático nos efeitos genóticos (*erros de representação*) que persiste entre ensaios e não é reduzido por casualização e repetição (Kempton, 1997). Jensen & Federer (1964) já mostravam que, nos experimentos de competição varietal em trigo, o efeito da altura média das plantas, nas parcelas adjacentes, afetava fortemente a produtividade de genótipos individuais, a ponto de as testemunhas perderem a sua utilidade como padrão de rendimento.

Segundo Kempton (1997), embora a forma mais efetiva de lidar com a interferência seja através do uso de parcelas maiores e com bordadura(s), nos programas de melhoramento, muitas vezes, isto é impraticável. Assim, deve-se buscar modelos de análise estatística que levem em conta esses efeitos, de modo a promover os ajustes apropriados às comparações genóticas. Kempton (1982) apresenta um método desenvolvido para ensaios com repetições. A correção para os efeitos de competição baseia-se em modelos de regressão linear simples, das respostas individuais sobre as respostas das parcelas vizinhas. Segundo o autor, o procedimento garante estimativas mais precisas das diferenças esperadas entre variedades.

Kempton (1997) apresenta um modelo mais geral, em que a resposta de um genótipo i numa parcela j é descrita como: $Y_{ij} = \mu + b_j + g_i + \sum_k \phi_{ki} w_{jk} + e_{ij}$. Além de termos já conhecidos (μ , a média; b_j , o efeito do bloco na parcela j ; g_i , o efeito do genótipo; e e_{ij} , o erro), ϕ_{ki} é o efeito da interferência do genótipo k sobre o genótipo i , e w_{jk} é definido conforme suposições acerca do

alcance da inter-ferência. Assumindo-a somente entre parcelas adjacentes, tem-se: $w_{jk}=1$, se o genótipo k foi alocado à posição $j-1$ ou $j+1$; e, $w_{jk}=0$, em caso contrário (definições mais gerais são apresentadas pelo autor). Este modelo pode ser adaptado, inclusive, para ajustar a resposta genotípica na condição de estande puro (monocultivo); ou seja, ajustando-a para o seu próprio efeito de interferência. Isto permite predições mais realistas da resposta fenotípica de cada cultivar.

Um aspecto relevante é que, contrariamente à heterogeneidade espacial que geralmente produz observações vizinhas correlacionadas positivamente, os efeitos de interferência ou competição normalmente provocam uma correlação negativa. Logo, um anseio natural do pesquisador seria combinar, num só modelo de análise, o controle de ambos os tipos de variação. Mas, os trabalhos com esta orientação são poucos. Pithuncharurnlap *et al.* (1993) apresentam um modelo espacial que incorpora ambos os efeitos, o de tendência e o de competição interparcelas. O modelo é uma modificação da análise de Gleeson & Cullis (1987), que usa pares de efeitos de tratamentos ajustados para vizinhança. Seus resultados indicam que, em termos de erro padrão de diferenças de médias de tratamentos, o modelo estendido praticamente não difere da análise tomando em conta apenas o efeito de tendência. Contudo, o ordenamento destas médias difere entre os dois procedimentos. Os autores ponderam, entretanto, que pesquisas adicionais são requeridas para melhor avaliar esse tipo de modelo, antes que possam ser confiavelmente recomendados.

5.4. Eficiência da análise espacial de experimentos

A eficiência da análise espacial tem sido demonstrada por vários pesquisadores. Stroup *et al.* (1994) compararam três destes procedimentos à análise convencional de blocos completos casualizados (*RCB*), em ensaios varietais de trigo. As alternativas espaciais compreenderam: uma adaptação ao método de Papadakis (*NNA-PAP*); outra proposta similar, atribuída a Schwarzbach (*NNA-SB*); e o modelo de Zimmerman & Harville (*RFLM*). A abordagem *NNA* produziu coeficientes de variação inferiores e teve maior capacidade estatística para discriminar as linhagens do que *RCB*. Ademais, em 25% dos ensaios, tanto as médias como as suas classificações diferiram, indicando que linhagens diferentes seriam selecionadas pelas duas abordagens (*NNA* e *RCB*). A análise de *RFLM* produziu resultados similares às *NNA*'s, embora sua aplicação restringiu-se, por limitações computacionais, ao ensaio com a maior discrepância entre *RCB* e *NNA*'s. Enfim, os autores concluíram que as tendências espaciais são freqüentes e uma abordagem analítica corretiva (*NNA* ou *RFLM*) deveria ser usada para melhorar a precisão dos ensaios.

Federer (1998) constatou uma redução de 47,5% no quadrado médio do erro, num *lattice* quadrado balanceado, quando se passou de uma análise intrablocos usual ($QM_{\text{Erro}}=22,67$) para a de um modelo misto admitindo gradientes (polinômios com interações) intralinhas e intracolumnas ($QM_{\text{Erro}}=11,91$). Além disso, a estatística F obtida para a fonte de variação ‘tratamentos ajustados’ passou de um valor inferior à unidade ($F<1$) e não significativo, para um valor significativo a 2% de probabilidade ($F=2,43$). Aplicando um modelo misto similar à análise de um delineamento aumentado de linhas e colunas, o autor observou uma mudança considerável na ordenação das médias de tratamentos em relação à análise intrablocos (modelo fixo). Observou ainda que, enquanto 52 novos genótipos superaram a melhor testemunha, no conjunto das médias estimadas a partir do modelo fixo, apenas 36 o foram no conjunto das médias *REML* ajustadas pelo modelo misto (recuperando informações interlinhas, intercolumnas e intergradientes).

Gleeson (1997) reporta uma redução de 44% na variância média de contrastes de pares de tratamentos, proporcionada por uma análise espacial em uma dimensão, em relação a de blocos completos casualizados; enquanto a análise de blocos incompletos promoveu uma redução média de 30% (trabalho de Patterson & Hunter, 1983). Da mesma forma, Cullis & Gleeson (1989) obtiveram reduções de 42% com a aplicação do método de Gleeson & Cullis (1987) contra 33% da análise com recuperação da informação interblocos. Neste trabalho, os autores analisaram 1019 ensaios varietais em diversas espécies cultivadas, e concluíram que o maior benefício da análise espacial é para os ensaios com parcelas curtas, sobretudo quando dispostas em longas faixas de terreno. Nos ensaios com parcelas longas já era esperada uma pequena eficiência da análise, pois este formato cobre uma larga faixa do mosaico da variabilidade local e isto reduz a correlação entre parcelas adjacentes. A análise também mostrou baixa eficiência nos ensaios com parcelas estreitas, o que foi atribuído à competição interparcelas. Para preveni-la, os autores enfatizaram que as parcelas devem ser mais largas ou suficientemente espaçadas entre si.

Cullis & Gleeson (1991) aplicaram a sua análise bidimensional a 24 experimentos de uniformidade, em diferentes espécies cultivadas. Constataram que a análise espacial em duas dimensões é necessária mesmo em situações em que as parcelas são bastante retangulares. Mencionam ainda o ganho potencial ao se utilizar este tipo de análise em detrimento de uma análise convencional de linhas e colunas.

Kempton *et al.* (1994) também investigaram métodos de ajustamento para heterogeneidade espacial em duas dimensões, em 224 ensaios com cereais. Em cerca de um terço deles, obtiveram uma redução média de 10% no valor da variância média do contraste entre tratamentos, em relação

ao melhor dos modelos unidimensionais (de linhas ou de colunas). Comparada à análise de blocos completos, a de blocos em duas dimensões (2-D) teve uma eficiência média de 153%, enquanto a análise convencional de blocos numa só dimensão (1-D) teve eficiência de 127%. Similarmente, a análise espacial 2-D teve uma eficiência média de 159%, enquanto a 1-D resultou em 137%. Enfim, os autores concluem que, para a melhoria da precisão dos ensaios varietais, deveria haver uma maior utilização destes métodos.

Grondona *et al.* (1996) aplicaram a análise de Cullis & Gleeson (1991) a 35 ensaios de competição varietal, em triticales e trigo. Dezenove modelos foram avaliados combinando diferentemente os efeitos principais (linhas e colunas) e a modelagem da tendência (processos *ARIMA* para as linhas e colunas). Os autores concluíram que a análise espacial é mais eficiente em reduzir a variação residual do que a análise de blocos incompletos. Embora nenhum modelo tenha levado ao melhor ajuste em todos os ensaios, o modelo bidimensional auto-regressivo de primeira ordem foi o mais eficiente em termos dos critérios avaliados (erro padrão das diferenças de tratamentos e erro quadrático médio de predição via validação cruzada).

Evidências empíricas têm demonstrado que, na prática, apenas as correlações amostrais para pequenas distâncias entre parcelas (*lags*) necessitam ser levadas em conta nos modelos de análise espacial (Gleeson, 1997; Gleeson & Cullis, 1987). Ademais, Seraphin (1992) reporta que, em boa parte dos estudos, os modelos considerando apenas as diferenças de primeira ordem têm sido adequados para garantir um aumento de eficiência na análise, em relação à tradicional análise de blocos incompletos.

Cullis *et al.* (1989) aplicaram o seu modelo de análise espacial (para ensaios com genótipos não repetidos), a um experimento preliminar testando 525 linhagens de trigo. Seleções (10% superiores) com base nos dados brutos e na análise espacial tiveram quase 60% de genótipos comuns. Mas, enquanto com os dados brutos *nenhum* genótipo foi selecionado nas três faixas de terreno (blocos) menos produtivas, *onze* genótipos o foram quando se utilizaram os valores preditos (*BLUP*) pelo modelo espacial. Nesta mesma linha, Cullis *et al.* (1992) avaliaram, por simulação, a resposta à seleção obtida por este modelo de análise em comparação à de outros procedimentos seletivos usuais (médias móveis e ajustamentos com base em testemunhas). Os autores constataram que a análise espacial resultou em ganhos relativos consistentemente superiores, especialmente com o aumento da variância de tendência.

Kempton & Gleeson (1997) comentam que, mesmo sem repetição, as respostas dos genótipos-teste fornecem informação interna sobre a variabilidade espacial, o que pode melhorar a

eficiência da seleção. Os autores acrescentam, entretanto, que um requisito básico para usufruir destes benefícios da análise é que os genótipos sejam alocados de forma completamente aleatorizada ao longo do ensaio. Se os genótipos forem agrupados por origem genética, as seleções devem ser feitas somente dentro dos grupos. Isto porque estes genótipos são assumidos como de efeitos aleatórios. Já as testemunhas, de efeitos fixos, podem ser distribuídas sistematicamente no campo, haja vista a abordagem espacial adotada.

Zimmerman & Harville (1991), baseados num estudo de randomização, com dados de ensaios de uniformidade, entenderam que a sua abordagem, com frequência, fornece estimativas mais precisas dos contrastes entre tratamentos do que outros métodos de análise de vizinhança. Ademais, esta é livre de ambigüidades (ex: lida naturalmente com parcelas limítrofes) e aplica-se a experimentos com dependência espacial em todas as direções, incluindo-se quaisquer esquemas de blocagem e acomodando diferentes tamanhos e formas de parcelas. Acrescentam, ainda, que o uso de blocos menores pode reduzir mas não necessariamente eliminar as suas vantagens. Por último, quanto maior for a dependência entre parcelas vizinhas, mais eficiente será a análise espacial em relação a uma análise de blocos incompletos.

Martínez (1994) analisou um conjunto de dados com forte evidência de variabilidade espacial através de quatro métodos alternativos: blocos completos casualizados (*BCC*), blocos incompletos - *lattice* (*BIC*), ajuste de vizinhança pelo método de Papadakis (*AVP*) e quadrados mínimos generalizados pelo variograma (*VGLS*). O autor concluiu que, devido à variabilidade espacial, várias médias de tratamentos não foram estimadas corretamente pela análise de *BCC*, e, as análises por *BIC* e *AVP* também não foram efetivas no controle do problema. Já a análise por *VGLS* (com semivariâncias ajustadas pelo chamado *modelo esférico*) corrigiu significativamente o problema de super e subestimação das médias, resultando também em menores erros padrão de diferenças de médias de tratamentos. Observou ainda que este método fornece menores erros padrão para contrastes de médias de menor magnitude. Acrescentou que, na presença de variabilidade espacial, o interesse recai, sobretudo, numa melhor estimação de contrastes entre médias de tratamentos similares. Grondona & Cressie (1991), Hoef & Cressie (1993), Cressie (1993) e Ribeiro Júnior (1995) também são unânimes em apontar os benefícios desse tipo de abordagem.

Os resultados do uso da análise espacial por meio de métodos geoestatísticos não são, contudo, sempre animadores. Knapp *et al.* (1995) utilizaram-na em pesquisa de melhoramento para estresse nutricional, em milho. Notaram que, apesar da saturação de alumínio (Al) ter se mostrado espacialmente correlacionada, de maneira a permitir estimativas para locais não amostrados,

nenhuma melhoria de eficiência estatística foi observada nos resultados, quando comparados com médias não ajustadas. Entretanto, os autores argumentam que isso provavelmente ocorreu por não ter havido pressão de seleção suficiente nos níveis de saturação de Al utilizados.

Eisenberg *et al.* (1996) compararam métodos de análise de experimentos quanto à eficiência em reduzir os efeitos da variação espacial, a saber: *método de Papadakis*; um ajuste por *superfície de resposta polinomial*; uma correção baseada nas observações dos dois *vizinhos mais próximos*; e, a *análise AMMI*. Tomaram uma série de 42 ensaios nutricionais de trigo e um experimento com erva mate. Os efeitos dos diferentes métodos sobre o termo de *erro* ($SQ_{\text{Erro}}/SQ_{\text{Total}}$), em relação à análise de blocos completos casualizados, indicaram que o método *AMMI* não só produziu a maior redução, mas também as reduções mais consistentes. Em consequência, os erros padrão de médias por este método também foram consideravelmente menores, permitindo a detecção estatística de efeitos não captados pela análise de blocos ao acaso. Constataram ainda que o primeiro componente sistemático dos resíduos (*AMMI*) foi capaz de captar um *padrão* espacial relacionado a variáveis nutricionais do solo e/ou das plantas (ex: regressão significativa dos resíduos preditos *AMMI* sobre a concentração de cátions totais). Dessa forma, tal componente, de efeito interpretável e previsível, pôde ser separado dos *ruidos* aleatórios, garantindo uma análise de maior eficiência. Concluem, portanto, que os resultados são encorajadores no sentido de aplicar a análise *AMMI* para descrever padrões espaciais e purificar os efeitos de tratamentos.

Por outro lado, os autores alertam para o fato de que o método não modela padrões bidimensionais explicitamente. Por exemplo, as linhas 1, 2 e 3 no mapa de campo, para a análise *AMMI* são apenas três linhas diferentes, enquanto para outros modelos espaciais a linha 2 está entre as linhas 1 e 3. Assim, recomendam pesquisas adicionais no sentido de melhor compreender as respostas *AMMI* aos padrões espaciais e para comparar a sua *performance* em relação a outros modelos. Sugerem ainda que conjuntos de dados reais e simulados devam fazer parte dessas pesquisas para se alcançar uma avaliação mais segura.

Considerando os resultados compilados, em sua maior parte favoráveis à adoção de métodos que levam em conta possíveis correlações (positivas e/ou negativas) entre parcelas vizinhas, bem como a disponibilidade atual de *softwares* cada dia mais eficientes, conclui-se esta seção com um questionamento de Gleeson (1997): “ Por que não a análise espacial de dados? ”.