

MELLO, M. P.; PETERNELLI, L. A. Uso de funções polinomiais no ajuste espacial de observações usando simulação estocástica. In: Simpósio de Iniciação Científica da Universidade Federal de Viçosa, 16., 2007, Viçosa, MG. **Resumos...** Viçosa: UFV, 2007. Disponível em: <<http://mtc-m17.sid.inpe.br:80/rep-/sid.inpe.br/mtc-m17@80/2008/04.29.00.15>>. Acesso em: 29 abr. 2008. (854) 1 CD-ROM.

UFV / XVI SIC / FEVEREIRO-2007 / Informática / 854

USO DE FUNÇÕES POLINOMIAIS NO AJUSTE ESPACIAL DE OBSERVAÇÕES USANDO SIMULAÇÃO ESTOCÁSTICA

MELLO, Márcio Pupin de (Bolsista); PETERNELLI, Luiz Alexandre (Orientador)

Um problema encontrado nas etapas iniciais de um programa de melhoramento é a escassez de material genético necessário para a realização de experimentos. Uma alternativa viável seria usar apenas uma repetição de cada novo genótipo. Os modelos de delineamentos aumentados, propostos por Federer em 1956, se enquadram nessas condições. Neles a análise fornece “médias” ajustadas dos tratamentos correspondentes aos novos genótipos de acordo com os efeitos ambientais estimados pela repetição dos tratamentos testemunha. Mais recentemente Federer propõe acrescentar uma função polinomial envolvendo linhas e colunas do desenho experimental de modo a selecionar um modelo que absorva as variações sistemáticas (espaciais) dos dados. A função será usada para corrigir valores associados a cada unidade experimental. O objetivo deste trabalho foi criar um algoritmo capaz de ajustar a função proposta e testar o método usando simulação estocástica. Usou-se o sistema livre R, que é um software capaz de integrar cálculos, gerar dados e gráficos, entre outras aplicações. Foram simulados 72 cenários com diferentes valores de coeficiente de variação experimental, correlação espacial e herdabilidade (H). Em 36 cenários a distribuição das testemunhas deu-se de forma aleatória (ALE) e nos outros 36, sistemática (SIS). Foram 1000 simulações de cada cenário. Três métodos de análises foram comparados: DBA; DBA+espacial; Espacial. Os resultados mostraram que a herdabilidade influencia drasticamente na qualidade do ajuste, sendo ele melhor quando H é maior. O DBA+espacial foi o método mais eficiente no ordenamento dos novos genótipos, com porcentagem de coincidência média de 38,5% (H = 30%) e 62,4% (H = 70%). O aumento da correlação espacial acarreta diminuição gradual na eficiência em ordenar os genótipos. A forma de distribuição das testemunhas influenciou apenas em estimar herdabilidade, sendo que na SIS esta foi menos superestimada nas três análises. O DBA foi o método que melhor recuperou valores de H. (CNPq)