

## COMPARAÇÃO DE MÉDIAS DE TRATAMENTOS EM GRUPOS DE EXPERIMENTOS

Cássio DESSOTTI<sup>1</sup>  
Sônia Maria De Stefano PIEDADE<sup>1</sup>  
Décio BARBIN<sup>1</sup>  
Paula da Fonte SANCHES<sup>2</sup>  
Ezequiel Abraham López BAUTISTA<sup>1</sup>

- **RESUMO:** As análises de grupos de experimentos, de grande importância na agricultura, são indispensáveis quando se pretende investigar o comportamento de tratamentos em diversos locais de interesse. Parte-se das análises de variâncias individuais em cada local, para o agrupamento de todos os ensaios em uma única análise. Verifica-se a veracidade da significância da interação tratamentos versus locais (T×L), caso seja não-significativa, obtêm-se conclusões generalizadas a respeito do comportamento dos tratamentos. O grande interesse está nos casos de interação significativa, em que duas alternativas surgem para que se conclua a análise. A primeira permite que se considerem os resultados das análises individuais, com o resíduo específico de cada local, enquanto a segunda sugere que se desdobrem o número de graus de liberdade relativos a tratamentos + interação, visando a interpretação dos tratamentos dentro de cada local, utilizando o resíduo médio como testador. A partir da simulação de grupos de experimentos, foram obtidas neste trabalho, regiões de acordo com o número de tratamentos, blocos e locais, em que a separação de grupos de médias de tratamentos é tão eficaz caso se trabalhe com as análises individuais, quanto com as análises pós-desdobramento, além de regiões em que cada uma das metodologias se apresentou mais indicada.
- **PALAVRAS-CHAVE:** Análise de grupos de experimentos; estudo de simulação; interação significativa; quadrado médio do resíduo.

<sup>1</sup>Universidade de São Paulo – USP, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – ESALQ, Departamento de Ciências Exatas, CEP: 13418-900, Piracicaba, SP, Brasil. E-mail: [dessotti@usp.br](mailto:dessotti@usp.br) / [soniamsp@usp.br](mailto:soniamsp@usp.br) / [decio.barbin@usp.br](mailto:decio.barbin@usp.br) / [ealbautis@usp.br](mailto:ealbautis@usp.br)

<sup>2</sup>Centro Universitário Salesiano de São Paulo – UNISAL, CEP: 13466-327, Americana, SP, Brasil. E-mail: [paula.sanches@am.unisal.br](mailto:paula.sanches@am.unisal.br)

## 1 Introdução

Na agricultura há grande interesse na análise de grupos de experimentos, que se trata de uma avaliação conjunta capaz de permitir tomar decisões abrangentes a toda uma região a partir da instalação de um mesmo experimento em diversos locais de interesse do pesquisador. Para isso, utilizam-se os mesmos tratamentos e delineamentos, de preferência com iguais números de repetições em todos os experimentos, facilitando a análise.

Nesses casos, considera-se desnecessária a utilização de ensaios cuja instalação ou análise estatística seja complexa, podendo-se trabalhar com experimentos em blocos ao acaso, simplificando os cálculos e reduzindo as despesas, e ainda pode-se repetir o experimento ao longo de alguns anos, aumentando assim a credibilidade dos resultados.

Dentre os pioneiros neste tipo de estudo, destacam-se Kempthorne (1952) ao exibir um método de análise de grupos de experimentos instalados em diversos locais; Cochran e Cox (1957) ao propor e detalhar a análise na forma em que se trabalha na atualidade, com tratamentos, repetições e locais; além de Pimentel Gomes e Guimarães (1958) que nesta abordagem já calculavam estimativas de variâncias de estimativas de contrastes de médias de tratamentos.

Pimentel Gomes (2009) afirmou que os ensaios em diversos locais podem ser agrupados em uma única análise desde que o quociente entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo (QMRes) seja inferior a 7, caso contrário, pode-se considerar subgrupos de locais homogêneos, com quadrados médios residuais que satisfaçam o quociente, a fim de se construir tantas análises conjuntas quantos subgrupos criados.

Conagin et al. (1993) alertaram que a análise conjunta pode apresentar complicações decorrente da heterogeneidade de variâncias, do tipo de experimento ou do número diferente de repetições por experimento, afetando na comparação de médias de tratamentos. Vencovsky e Barriga (1992) aconselharam neste caso, que sejam utilizados os processos biométricos expostos no trabalho de Cochran e Cox (1957), enquanto Oliveira e Nogueira (2007), apresentaram a técnica do resíduo específico para contornar tal problema.

Barbin (2003) organizou as etapas de construção dos quadros de análises de variância, incluindo todas as equações, desde as análises individuais até a análise conjunta com os possíveis desdobramentos. Resende (2007), por sua vez, apresentou coeficientes genéticos de herdabilidade de tratamentos, de locais e da interação para este tipo de estudo.

Eberhart e Russel (1966) destacaram que, em grupos de experimentos, as interações estão normalmente presentes para qualquer material genético com o qual o melhorista possa vir a trabalhar. A interação tratamentos versus locais é o centro da análise de grupos de experimentos, sendo ela significativa, há indícios de que o comportamento dos tratamentos difere de local para local. Por outro lado, sendo a interação não-significativa, pode-se obter conclusões generalizadas.

Barbin (2003) alertou que, ao deparar-se com uma interação tratamentos versus locais significativa, duas alternativas surgem para que se conclua a análise. A primeira permite que se considerem os resultados e conclusões das análises individuais, com o resíduo específico de cada local, enquanto a segunda sugere que se desdobre o número de graus de liberdade relativos a tratamentos + interação significativa, visando a interpretação dos tratamentos dentro de cada um dos locais, utilizando o resíduo médio como testador.

Nas análises individuais e nas pós-desdobramento, grande interesse existe em relação à comparação de tratamentos, quando este efeito se apresenta significativo segundo o teste F, e um critério de comparação de grande uso e relevância é o teste de Tukey da diferença honestamente significativa (HSD), descrito por Banzato e Kronka (1989) dentre outros, que testa todos os possíveis contrastes entre duas médias, originando grupos de tratamentos segundo a grandeza de suas médias.

O presente trabalho teve por objetivo, a partir da simulação de dados de grupos de experimentos com interação tratamentos versus locais significativa, comparar a magnitude das diferenças honestamente significativas (HSD), obtidas por análises individuais (AI) e pós-desdobramento (APD) da interação, buscando sob determinadas circunstâncias, apontar a metodologia de menor HSD, ou seja, a metodologia mais propícia para mostrar diferenças de médias de tratamentos.

## 2 Métodos

### 2.1 Análise de grupos de experimentos simulados

Para a simulação de conjuntos de dados de grupos de experimentos, cada grupo foi constituído por predeterminados número de locais ( $L$ ) e de tratamentos ( $I$ ) (os mesmos tratamentos foram utilizados em todos os locais). Além disso, cada experimento foi caracterizado por um delineamento em blocos ao acaso com um determinado número de blocos ( $J$ ).

Foram realizadas, para cada grupo de experimentos, análises de variâncias individuais, e análise de variância conjunta reunindo todos estes locais em um único estudo. Foi verificada a significância da interação tratamentos versus locais, significância essa que possibilitou o desdobramento do número de graus de liberdade relativos a tratamentos dentro de locais, trabalhando-se então com o resíduo médio no teste HSD baseado na distribuição amostral da amplitude total estudentizada após o desdobramento.

O teste F, utilizado para testar a significância do efeito de tratamentos na análise conjunta foi realizado com o quadrado médio da interação tratamentos  $\times$  locais, por outro lado, para verificar a significância da interação, o teste foi efetuado com o quadrado médio do resíduo médio no denominador.

Verificada a significância da interação tratamentos versus locais, realizou-se o desdobramento desta interação, para estudar o comportamento dos tratamentos dentro de cada local, visando a comparação das HSD, obtidas na análise individual e pós-desdobramento.

## 2.2 Procedimentos de simulação em R

Foram considerados, na programação no software *R* (2013):

i) Os modelos estatístico-matemáticos utilizados neste trabalho, considerando  $i = 1, \dots, I$  tratamentos,  $j = 1, \dots, J$  blocos e  $k = 1, \dots, K$  locais, seguem descritos abaixo para análises individuais (equação 1), para análise conjunta (equação 2) e para análise do desdobramento do número de graus de liberdade de tratamentos dentro de cada local (equação 3), a partir da simulação de 1000 grupos de experimentos. Admitiu-se como valor inerente a todas as observações  $m = 200$ ;

$$y_{ij} = m + t_i + b_j + e_{ij}; \quad (1)$$

$$y_{ikj} = m + t_i + l_k + b_{j(k)} + tl_{ik} + e_{ikj}; \quad (2)$$

$$y_{ikj} = m + t_{i(1)} + t_{i(2)} + \dots + t_{i(K)} + l_k + b_{j(k)} + e_{ikj}; \quad (3)$$

ii) Os valores estimados dos efeitos fixos de tratamentos ( $\hat{t}_i$ ) e blocos ( $\hat{b}_j$ ) e o vetor de resíduos ( $\hat{e}_{ij}$ ) foram gerados para cada experimento no software *R* (2013), considerando 3 ambientes de simulação (AS1, AS2 e AS3), segundo a distribuição normal com média zero e variância constante para cada efeito, tal como descrito na Tabela 1. Para cada ambiente foram gerados dados referentes a 3 e 4 grupos de experimentos, cada caso proporcionando 3000 e 4000 comparações das metodologias AI e APD segundo suas HSD.

Tabela 1 - Ambientes de simulação (AS) com valores de média e variância da distribuição normal utilizados na geração dos valores estimados dos efeitos fixos de tratamentos e blocos, e vetor de resíduos

	Tratamentos	Blocos	Resíduo
AS1	$N(0, 4)$	$N(0, 1)$	$N(0, 1)$
AS2	$N(0, 64)$	$N(0, 16)$	$N(0, 36)$
AS3	$N(0, 2500)$	$N(0, 225)$	$N(0, 900)$

iii) O número de tratamentos (I) por experimento variou entre 4 e 20, o número de blocos (J) por ensaio variou entre 3 e 6 e o número de locais (K) utilizados em cada grupo de experimentos foi 3 ou 4. As 2 metodologias de interesse neste trabalho foram avaliadas, combinando-se diferentes valores para  $I$ ,  $J$  e  $K$ .

iv) Gerados os valores dos efeitos de tratamentos, blocos e resíduo, foi possível obter o conjunto de dados completos a partir da equação 1, e assim, construir em cada local, a análise de variância individual;

v) A análise conjunta (equação 2) permitiu visualizar a existência ou não de interação significativa tratamentos versus locais (T×L). Neste caso, foi admitido como nível de significância  $\alpha = 0,05$ ;

vi) O objetivo deste estudo de simulação foi a comparação das diferenças honestamente significativas (HSD), calculadas segundo as análises individuais com seus respectivos quadrados médios residuais e valores de amplitude estudentizada “q” versus as HSD obtidas segundo a análise pós-desdobramento da interação (equação 3), com o quadrado médio do resíduo médio (QMRM) no denominador e um valor “q” menor. Assim, foram verificados o número de vezes que a HSD obtida por AI foi menor que por APD, a partir de um indicador implantado na programação;

vii) Um valor inicial (“196”) foi determinado de forma aleatória no Software R (2013), para possibilitar a reprodução das simulações e obtenção dos mesmos resultados que foram obtidos neste trabalho, caso desejado.

Pelas combinações baseadas no item iii, é importante observar que mudanças nos números de tratamentos, blocos e locais, modifica também o número de graus de liberdade dos resíduos das análises individuais e conjunta. Este fato altera ainda os valores da amplitude total estudentizada “q” para uso no teste HSD, já que tais valores dependem diretamente do quadrado médio residual. Na Tabela de amplitude estudentizada, fixado um número de tratamentos qualquer, conforme aumenta-se o número de graus de liberdade do resíduo, diminui-se o valor de “q”, e vice-versa.

A obtenção de uma HSD menor em análise individual em relação à análise conjunta, implica em uma maior sensibilidade do teste HSD, proveniente da análise individual. A comparação de HSD obtidas pelas duas alternativas em questão, tem possivelmente como fatores decisivos o número de graus de liberdade residuais das análises individuais e conjunta. A diferença de grandezas de HSD pode implicar que a metodologia de menor HSD sob determinadas circunstâncias, venha a apontar uma diferença de efeitos de tratamentos que a outra metodologia, com uma HSD maior, não apontou.

### 3 Resultados

#### 3.1 Simulação de conjuntos de dados de grupos de experimentos

A seguir serão apresentados os resultados relevantes obtidos em simulações de 1000 grupos de experimentos, para 3 ou 4 locais, descritos e tabela dos segundo 20 cenários de simulação (CS), representando variações no número de tratamentos e blocos, trabalhando-se com diferentes números de graus de liberdade residuais (de forma crescente do 1º ao 20º cenário) para as análises individuais e conjuntas, que afetam por sua vez os valores da amplitude total estudentizada “q”, utilizada no cálculo das HSD.

Tratando-se de diferenças honestamente significativas (HSD), nota-se pela Tabela 2 referente a grupos de 3 ensaios, que foram efetuadas 3000 comparações entre HSD provenientes de análises individuais (HSDI) versus pós-desdobramento (HSDC). Em cada grupo, comparou-se a HSD do local 1 versus a HSD de tratamentos desdobrados dentro do local 1, e de maneira análoga para os locais 2 e 3.

Tabela 2 - Graus de liberdade do resíduo nas análises individuais (GLI) e conjuntas (GLC) relacionados ao número de tratamentos (I) e blocos (J) para 1000 grupos de 3 ensaios, resultando em porcentagens de ocasiões em que HSD foi menor (mais indicado) na AI em relação à APD ( $\Delta$ ), nos ambientes AS1, AS2 e AS3

Cenário	GLI	GLC	I	J	$\Delta_{AS1}(\%)$	$\Delta_{AS2}(\%)$	$\Delta_{AS3}(\%)$
1	6	18	4	3	34,23	34,30	34,30
2	9	27	4	4	38,00	38,00	38,00
3	12	36	5	4	40,50	40,47	40,43
4	15	45	6	4	43,00	43,10	43,10
5	16	48	5	5	44,63	44,63	44,67
6	21	63	8	4	44,87	44,87	44,87
7	24	72	7	5	47,37	47,37	47,33
8	25	75	6	6	46,90	46,93	46,97
9	27	81	10	4	47,23	47,27	47,30
10	28	84	8	5	47,50	47,53	47,53
11	30	90	11	4	48,50	48,53	48,53
12	33	99	12	4	47,97	47,97	47,97
13	36	108	10	5	49,37	49,43	49,43
14	40	120	11	5	49,87	49,80	49,80
15	44	132	12	5	49,70	49,73	49,73
16	45	135	16	4	50,03	50,05	50,00
17	45	135	10	6	51,20	51,23	51,27
18	52	156	14	5	50,57	50,63	50,60
19	75	225	16	6	53,07	53,03	53,07
20	95	285	20	6	53,90	53,90	53,90

Assim, na Tabela 3, referente a grupos de 4 experimentos, o mesmo processo foi efetuado, porém, sendo investigadas 4000 comparações entre HSD. Nas tabelas 2 e 3, os grupos de experimentos simulados provenientes dos 3 ambientes de simulação (AS1, AS2 e AS3), referente a  $\Delta$  (porcentagens de HSD menores na AI em relação à APD), apresentaram comportamento similar, com valores muito próximos, indicando que a escolha destes ambientes com diferentes magnitudes de variâncias não afetou as HSD.

Conforme foi aumentado o número de graus de liberdade do resíduo ao longo dos cenários de simulação, aumentou-se a proporção de HSD menores nas AI em relação à APD, ou seja, a metodologia AI tende a apresentar mais diferenças de médias de tratamentos que a metodologia APD para grandes valores de graus de liberdade residuais (últimos cenários).

De acordo com o 16º cenário de simulação (CS) da Tabela 2, um grupo de 3 experimentos com 16 tratamentos, 4 blocos e 45 graus de liberdade do resíduo na análise individual (AI), parece ser o ponto de equilíbrio das duas metodologias, já que esta configuração apresentou valores de  $\Delta$  igual ou muito próximos a 50%,

Tabela 3 - Graus de liberdade do resíduo nas análises individuais (GLI) e conjuntas (GLC) relacionados ao número de tratamentos (I) e blocos (J) para 1000 grupos de 4 ensaios, resultando em porcentagens de ocasiões em que HSD foi menor (mais indicado) na AI em relação à APD ( $\Delta$ ), nos ambientes AS1, AS2 e AS3

Cenário	GLI	GLC	I	J	$\Delta_{AS1}(\%)$	$\Delta_{AS2}(\%)$	$\Delta_{AS3}(\%)$
1	6	24	4	3	34,60	34,60	34,57
2	9	36	4	4	40,45	40,45	40,45
3	12	48	5	4	43,05	42,97	42,97
4	15	60	6	4	43,75	43,77	43,75
5	16	64	5	5	46,57	46,57	46,57
6	21	84	8	4	48,07	48,15	48,15
7	24	96	7	5	50,10	50,10	50,12
8	25	100	6	6	49,42	49,45	49,45
9	27	108	10	4	50,75	50,75	50,75
10	28	112	8	5	51,27	51,30	51,27
11	30	120	11	4	50,72	50,75	50,75
12	33	132	12	4	51,62	51,60	51,60
13	36	144	10	5	51,67	51,72	51,75
14	40	160	11	5	52,55	52,52	52,55
15	44	176	12	5	52,67	52,60	52,62
16	45	180	16	4	52,05	52,07	52,07
17	45	180	10	6	54,07	54,07	54,07
18	52	208	14	5	54,60	54,62	54,62
19	75	300	14	6	56,35	56,35	56,37
20	95	380	20	6	56,95	56,92	56,92

porém algumas outras configurações também apresentaram grande equilíbrio em relação às duas metodologias.

Segundo o 7º cenário de simulação da Tabela 3, um grupo de 4 experimentos com 7 tratamentos, 5 blocos e 24 graus de liberdade residuais na AI, pode ser considerado como ponto de equilíbrio das duas metodologias. Este cenário apresentou valores de  $\Delta$  igual ou muito próximos a 50% para os 3 vetores de simulação. Algumas outras configurações também apresentaram muito equilíbrio.

Foi admitida então uma certa tolerância (5%) para  $\Delta$ . Sendo assim, nos casos em que  $47,5\% < \Delta < 52,5\%$ , optou-se por não apontar uma metodologia mais adequada para dar continuidade a uma análise conjunta de interação significativa.

Na Tabela 2 e Figura 1, para grupos de 3 experimentos, verificou-se que os cenários entre 10 e 18, apresentaram grande equilíbrio em relação a  $\Delta$ , deixando a critério do pesquisador a escolha da alternativa de análise para aplicação do teste de HSD para comparação de tratamentos e construção de grupos de médias de tratamentos.

Na Tabela 3 e Figura 1, para grupos de 4 ensaios, nota-se que experimentos

compreendidos no intervalo do cenário 6 ao 13, possuem valores de HSD muito próximos, indicando o mesmo equilíbrio de metodologias. Curiosamente a simulação de cenário 16 também não apresentou uma metodologia de destaque.

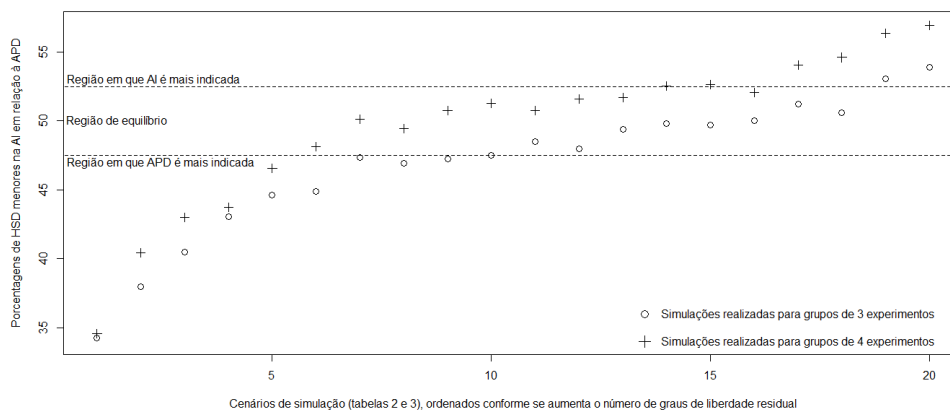


Figura 1 - Porcentagem de HSD ( $\Delta$ ) menores na AI em relação à APD em função do cenário de simulação.

Sobre a comparação de grupos de médias de tratamentos, em situações fora da região de equilíbrio, sendo  $\Delta > 52,50\%$ , afirma-se que a metodologia HSDI é mais sensível que a metodologia HSDC para o teste das diferenças honestamente significativas (HSD), o que possibilitou mais diferenças significativas de contrastes de duas médias. Analogamente, para  $\Delta < 47,50\%$  afirma-se o oposto.

## Conclusões

Embasados nas análises de grupos de experimentos simulados, concluiu-se:

i) Caso o delineamento de interesse se encaixe, segundo I, J e K, no intervalo de equilíbrio ( $47,50\% < \Delta < 52,50\%$ ) especificado nas Tabelas 2 e 3 e Figura 1, pode-se trabalhar tanto com os grupos de médias de tratamentos com a metodologia AI utilizando os resíduos específicos de cada local, quanto com a metodologia APD com o quadrado médio do resíduo médio como testador;

ii) Ao deparar-se com grupos de experimentos similares aos relativos à região  $\Delta < 47,50\%$ , pode-se afirmar que foram encontradas mais HSDI maiores que HSDC. Indica-se nestes casos, o uso do teste HSD para construção de grupos de médias de tratamentos, sobre as APD, visando assim, maior quantidade de diferenças entre tratamentos;

iii) Nos casos de grupos de experimentos similares aos relativos à região em que  $\Delta > 52,50\%$ , observou-se que foram obtidas mais HSDI menores que HSDC. Assim, aconselha-se o uso do teste de HSD para construção de grupos de médias de tratamentos sobre as AI.



## Agradecimentos

Agradeço à Profa. Dra. Sônia Maria De Stefano Piedade pela orientação e motivação, ao Prof. Dr. Decio Barbin pela contribuição e amizade, aos grandes amigos e parceiros de trabalho, Paula da Fonte Sanches e Ezequiel Abraham López Bautista, e por fim, à Coordenadoria para o Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa de estudo.

DESSOTTI, C.; PIEDADE, S.M.S.; BARBIN, D.; SANCHES, P.F.; BAUTISTA, E.L. Comparison among treatments means in experimental groups. *Rev. Bras. Biom.*, São Paulo, v.31, n.3, p.327-336, 2013.

- **ABSTRACT:** *The experimental groups analysis, of great importance in agriculture, are essential when intends to investigate the treatments behavior at multiple sites from researcher interest. Starts by the individual variance analysis in each site, to the grouping of all experiments in a single analysis. Examine the veracity of the significant treatments vs. sites interaction (T×L), being no-significant, are obtained generalized conclusions about the behavior of the treatments. The interest is in the cases where the interaction is significant, because two alternatives appear, the first one allows that the individual analysis results are considered with the specific residual from each site, while the second one advises, that the degrees of freedom relative to treatments + significant interaction be unfound, looking at the interpretation of the treatments inside each site, using the mean residual as test. The simulation of experimental groups allowed the construction of areas according to the number of treatments, blocks and sites, in which means groups of treatments are as effective if working with the individual analyzes, as well as with analysis after the split, and regions in which each of the presented methodologies is most suitable.*
- **KEYWORDS:** *Experimental groups analysis; simulation; significant interaction; residual mean square.*

## Referências

- BANZATTO, D. A.; KRONKA, S. N. *Experimentação agrícola*. Jaboticabal: FUNEP, 1989. 247p.
- BARBIN, D. *Planejamento e análise estatística de experimentos agrônômicos*. Arapongas: Midas, 2003. 208p.
- COCHRAN, W. G.; COX, G. M. *Experimental designs*. 2.ed. New York: John Wiley, 1957. 611p.
- CONAGIN, A.; NAGAI, V.; IGUE, T. Poder discriminativo do teste de combinação de probabilidades na análise de grupo de experimentos. *Bragantia*. Campinas. v.52, n.1, p.89-99, 1993.
- EBERHART, S. A.; RUSSEL. W.A. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*. Madison, v.6, p.36-40, 1966.

KEMPTHORNE, O. *The design and analysis of experiments*. New York: John Wiley, 1952. 631p.

OLIVEIRA, W. A.; NOGUEIRA, M. C. S. Aplicação do resíduo específico na análise de grupos de experimentos. *Bragantia*. Campinas, v.66, n.4, p.737-744, 2007.

PIMENTEL GOMES, F. *Curso de estatística experimental*. 15 ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451p.

PIMENTEL GOMES, F.; GUIMARÃES, R. F. Joint analysis of experiments in complete blocks designs with some common treatments. *Biometrics*. Tallahassee, v.14, p.521-526, 1958.

R. Development Core Team. R Foundation for Statistical Computing. *R: A language and environment for statistical computing*, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL. Disponível em: <<http://R-project.org>>. Acessado em: 15 mar. 2013.

RESENDE, M. D. V.de. *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561p.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: SBG, 1992. 496p.

Recebido em 16.09.2013.

Aprovado após revisão em 08.11.2013.