**TAMANHOS DE AMOSTRAS PARA A ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS
GENÉTICOS EM MILHO (*Zea mays* L.)**

FRANCISCO PINHEIRO LIMA NETO
Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR

*Dissertação apresentada à Escola
Superior de Agricultura "Luiz de
Queiroz", da Universidade de São
Paulo, para obtenção do título de
Mestre em Agronomia, Área de
Concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas.*

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Maio - 1994

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Livros da
Divisão de Biblioteca e Documentação - PCLQ/USP

Lima Neto, Francisco Pinheiro

L732t   Tamanhos de amostras para a estimação de parâmetros
genéticos em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1994.
81p. ilus.

Diss.(Mestre) - ESALQ
Bibliografia.

1. Genética quantitativa 2. Milho - Melhoramento
3. Milho - Progenie - Parâmetro genético I. Escola
Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba

CDD 633.15

**TAMANHOS DE AMOSTRAS PARA A ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS
GENÉTICOS EM MILHO (*Zea mays* L.)**

FRANCISCO PINHEIRO LIMA NETO

Aprovada em 30/06/1994

Comissão julgadora:

Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior

ESALQ/USP

Prof. Dr. Isaías Olívio Geraldi

ESALQ/USP

Prof. Dr. José Fernando Machado Menten

ESALQ/USP

Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior
Orientador

*Pelo exemplo,
a meu pai,
Francisco Pinheiro Lima Júnior,
dedico.*

*Pelo apoio e pelo incentivo,
a minha mãe, Lice,
e a minha irmã, Francesca,
ofereço.*

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior, pela atenção e pela orientação.

Ao Prof. Dr. Isaias Olivio Geraldi, pelo apoio e pelos diversos esclarecimentos.

Aos amigos do curso de pós-graduação Cláudio Takeda e Nelson Fonseca Júnior, pelo auxílio nas análises estatísticas.

Aos amigos do curso de pós-graduação Júlio Sílvio de Souza Bueno Filho e José Baldin Pinheiro, pelas diversas sugestões e pelo auxílio no acabamento da dissertação.

Ao amigo do curso de pós-graduação Luciano Consoli, pelo auxílio na montagem dos gráficos.

Ao amigo Sebastião Soares Simeão Filho, pela contribuição na montagem de algumas tabelas.

Aos funcionários Antônio Juscelino e Alfredo de Araújo, pelo auxílio na condução dos experimentos.

A bibliotecária Silvana Gregório, pelos esclarecimentos relacionados às referências bibliográficas.

A Ademir Ruiz Pelai, do CIAGRI, pelo auxílio na resolução de alguns problemas computacionais.

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE TABELAS	vi
LISTA DE FIGURAS	xi
RESUMO	xiv
SUMMARY	xvi
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Parâmetros genéticos	3
2.2. Coeficiente de correlação genética	4
2.3. Estimativas de parâmetros genéticos	5
3. MATERIAL E MÉTODOS	19
3.1. Material	19
3.2. Execução experimental	19
3.3. Caracteres avaliados	20
3.4. Análises estatísticas	20
3.4.1. Análises de variância	21
3.4.2. Estimativas dos componentes de variância e do coeficiente de herdabilidade	22
3.4.3. Precisão das estimativas	24
3.4.4. Análises de covariância e cálculo dos coeficientes de correlação genética	25
3.4.5. Progresso esperado com a seleção entre progênies	26
3.5. Critérios para a escolha do tamanho apropriado	27
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	28
4.1. Análise geral dos dados	28
4.2. Caráter peso de espigas	30
4.3. Caráter altura da planta	32
4.4. Caráter altura da espiga	34
4.5. Caráter posição relativa da espiga	36
4.6. Caráter índice de espigas	37
4.7. Correlações genéticas	39
4.8. Análise final dos dados	42
5. CONCLUSÕES	43
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	45
TABELAS	58
FIGURAS	71

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1. Quadro da análise da variância, com fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), somas de quadrados (SQ), quadrados médios (QM) e esperanças dos quadrados médios $[E(QM)]$, correspondente ao modelo matemático utilizado, para 25 progênies.
- Tabela 2. Quadro da análise da variância, com fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), somas de quadrados (SQ), quadrados médios (QM) e esperanças dos quadrados médios $[E(QM)]$, correspondente ao modelo matemático utilizado, para 50 progênies.
- Tabela 3. Quadro da análise da variância, com fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), somas de quadrados (SQ), quadrados médios (QM) e esperanças dos quadrados médios $[E(QM)]$, correspondente ao modelo matemático utilizado, para 75 progênies.
- Tabela 4. Quadro da análise da variância, com fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), somas de quadrados (SQ), quadrados médios (QM) e esperanças dos quadrados médios $[E(QM)]$, correspondente ao modelo matemático utilizado, para 100 progênies.
- Tabela 5. Valores dos coeficientes de variação experimental (CVe) e dos coeficientes de variação genética (CVg), expressos em porcentagem, e das médias populacionais ($\bar{x}$), para os caracteres peso de espigas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (AE/AP) e índice de espigas (IE), relativos às progênies de meios irmãos.
- Tabela 6. Valores dos coeficientes de variação experimental (CVe) e dos coeficientes de variação genética (CVg), expressos em porcentagem, e das médias populacionais ($\bar{x}$), para os caracteres peso de espigas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (AE/AP) e índice de espigas (IE), relativos às progênies de irmãos germanos.
- Tabela 7. Valores dos quadrados médios das progênies (QM_p), dos quadrados médios das interações entre progênies e locais (QM_{pL}) e dos quadrados médios dos erros (QM_E), para os caracteres peso de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), relativos às progênies de meios irmãos.
- Tabela 8. Valores dos quadrados médios das progênies (QM_p), dos quadrados médios das interações entre progênies e locais (QM_{pL}) e dos quadrados médios dos erros (QM_E), para os caracteres peso de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), relativos às progênies de irmãos germanos.

Tabela 9. Valores dos quadrados médios das progênies (QM_p), dos quadrados médios das interações entre progênies e locais (QM_{pL}) e dos quadrados médios dos erros (QM_E), para os caracteres posição relativa da espiga (AE/AP) e índice de espigas (IE), relativos às progênies de meios irmãos.

Tabela 10. Valores dos quadrados médios das progênies (QM_p), dos quadrados médios das interações entre progênies e locais (QM_{pL}) e dos quadrados médios dos erros (QM_E), para os caracteres posição relativa da espiga (AE/AP) e índice de espigas (IE), relativos às progênies de irmãos germanos.

Tabela 11. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênies (σ_p^2), variância das interações entre progênies e locais (σ_{pL}^2), variância do erro experimental (σ_E^2), variância fenotípica entre médias de progênies (σ_F^2), herdabilidade ao nível de médias de progênies (h_x^2) e ganho de seleção (G_s), para o caráter peso de espigas (PE), relativas às progênies de meios irmãos. Variâncias em (g/planta)², herdabilidade em % e G_s em g/planta e em percentual (nos parênteses).

Tabela 12. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênies (σ_p^2), variância das interações entre progênies e locais (σ_{pL}^2), variância do erro experimental (σ_E^2), variância fenotípica entre médias de progênies (σ_F^2), herdabilidade ao nível de médias de progênies (h_x^2) e ganho de seleção (G_s), para o caráter peso de espigas (PE), relativas às progênies de irmãos germanos. Variâncias em (g/planta)², herdabilidade em % e G_s em g/planta e em percentual (nos parênteses).

Tabela 13. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênies (σ_p^2), variância das interações entre progênies e locais (σ_{PL}^2), variância do erro experimental (σ_E^2), variância fenotípica entre médias de progênies (σ_F^2), herdabilidade ao nível de médias de progênies (h_x^2) e ganho de seleção (G_s), para o caráter altura da planta (AP), relativas às progênies de meios irmãos. Variâncias em (cm/planta)², herdabilidade em % e G_s em cm/planta e em percentual (nos parênteses).

Tabela 14. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênies (σ_p^2), variância das interações entre progênies e locais (σ_{PL}^2), variância do erro experimental (σ_E^2), variância fenotípica entre médias de progênies (σ_F^2), herdabilidade ao nível de médias de progênies (h_x^2) e ganho de seleção (G_s), para o caráter altura da planta (AP), relativas às progênies de irmãos germanos. Variâncias em (cm/planta)², herdabilidade em % e G_s em cm/planta e em percentual (nos parênteses).

Tabela 15. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênies (σ_p^2), variância das interações entre progênies e locais (σ_{PL}^2), variância do erro experimental (σ_E^2), variância fenotípica entre médias de progênies (σ_F^2), herdabilidade ao nível de médias de progênies (h_x^2) e ganho de seleção (G_s), para o caráter altura da espiga (AE), relativas às progênies de meios irmãos. Variâncias em (cm/planta)², herdabilidade em % e G_s em cm/planta e em percentual (nos parênteses).

Tabela 16. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênies (σ_p^2), variância das interações entre progênies e locais (σ_{pL}^2), variância do erro experimental (σ_E^2), variância fenotípica entre médias de progênies (σ_F^2), herdabilidade ao nível de médias de progênies (h_x^2) e ganho de seleção (G_S), para o caráter altura da espiga (AE), relativas às progênies de irmãos germanos. Variâncias em (cm/planta)², herdabilidade em % e G_S em cm/planta e em percentual (nos parênteses).

Tabela 17. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênies (σ_p^2), variância das interações entre progênies e locais (σ_{pL}^2), variância do erro experimental (σ_E^2), variância fenotípica entre médias de progênies (σ_F^2), herdabilidade ao nível de médias de progênies (h_x^2) e ganho de seleção (G_S), para o caráter posição relativa da espiga (AE/AP), adimensional, relativas às progênies de meios irmãos. Herdabilidade em % e G_S em números absolutos e em percentuais (nos parênteses).

Tabela 18. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênies (σ_p^2), variância das interações entre progênies e locais (σ_{pL}^2), variância do erro experimental (σ_E^2), variância fenotípica entre médias de progênies (σ_F^2), herdabilidade ao nível de médias de progênies (h_x^2) e ganho de seleção (G_S), para o caráter posição relativa da espiga (AE/AP), adimensional, relativas às progênies de irmãos germanos. Herdabilidade em % e G_S em números absolutos e em percentuais (nos parênteses).

Tabela 19. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênes (σ_p^2), variância das interações entre progênes e locais (σ_{pL}^2), variância do erro experimental (σ_E^2), variância fenotípica entre médias de progênes (σ_F^2), herdabilidade ao nível de médias de progênes (h_x^2) e ganho de seleção (G_s), para o caráter índice de espigas (IE), adimensional, relativas às progênes de meios irmãos. Herdabilidade em % e G_s em números absolutos e em percentuais (nos parênteses).

Tabela 20. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênes (σ_p^2), variância das interações entre progênes e locais (σ_{pL}^2), variância do erro experimental (σ_E^2), variância fenotípica entre médias de progênes (σ_F^2), herdabilidade ao nível de médias de progênes (h_x^2) e ganho de seleção (G_s), para o caráter índice de espigas (IE), adimensional, relativas às progênes de irmãos germanos. Herdabilidade em % e G_s em números absolutos e em percentuais (nos parênteses).

Tabela 21. Produtos médios entre progênes (PM_p) e das interações entre progênes e locais (PM_{pL}), relativos às progênes de meios irmãos.

Tabela 22. Produtos médios entre progênes (PM_p) e das interações entre progênes e locais (PM_{pL}), relativos às progênes de irmãos germanos.

Tabela 23. Estimativas dos coeficientes de correlação genética (r_p) entre os caracteres estudados, relativas às progênes de meios irmãos.

Tabela 24. Estimativas dos coeficientes de correlação genética (r_p) entre os caracteres estudados, relativas às progênes de irmãos germanos.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1. Estimativas da variância genética entre progênies, relativas às progênies de meios irmãos, para o caráter peso de espigas, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.
- Figura 2. Estimativas da variância genética entre progênies, relativas às progênies de irmãos germanos, para o caráter peso de espigas, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.
- Figura 3. Estimativas da variância genética entre progênies, relativas às progênies de meios irmãos, para o caráter altura da planta, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.
- Figura 4. Estimativas da variância genética entre progênies, relativas às progênies de irmãos germanos, para o caráter altura da planta, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.
- Figura 5. Estimativas da variância genética entre progênies, relativas às progênies de meios irmãos, para o caráter altura da espiga, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.
- Figura 6. Estimativas da variância genética entre progênies, relativas às progênies de irmãos germanos, para o caráter altura da espiga, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.
- Figura 7. Estimativas da variância genética entre progênies, relativas às progênies de meios irmãos, para o caráter posição relativa da espiga, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.
- Figura 8. Estimativas da variância genética entre progênies, relativas às progênies de irmãos germanos, para o caráter posição relativa da espiga, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.

Figura 9. Estimativas da variância genética entre progênes, relativas às progênes de meios irmãos, para o caráter índice de espigas, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.

Figura 10. Estimativas da variância genética entre progênes, relativas às progênes de irmãos germanos, para o caráter índice de espigas, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.

Figura 11. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de meios irmãos, para o caráter peso de espigas, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.

Figura 12. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de irmãos germanos, para o caráter peso de espigas, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.

Figura 13. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de meios irmãos, para o caráter altura da planta, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.

Figura 14. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de irmãos germanos, para o caráter altura da planta, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.

Figura 15. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de meios irmãos, para o caráter altura da espiga, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.

Figura 16. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de irmãos germanos, para o caráter altura da espiga, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.

Figura 17. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de meios irmãos, para o caráter posição relativa da espiga, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.

Figura 18. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de irmãos germanos, para o caráter posição relativa da espiga, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.

Figura 19. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de meios irmãos, para o caráter índice de espigas, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.

Figura 20. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de irmãos germanos, para o caráter índice de espigas, para os diferentes tamanhos das amostras, onde os pontos centrais se referem às estimativas e as barras verticais se referem aos respectivos erros associados.

TAMANHOS DE AMOSTRAS PARA A DETERMINAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM MILHO (*Zea mays* L.)

Autor: FRANCISCO PINHEIRO LIMA NETO

Orientador: Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR

RESUMO

Em programas de melhoramento, parâmetros genéticos são normalmente estimados, com a finalidade de possibilitar a obtenção de progressos esperados e de respostas correlacionadas na seleção, bem como de auxiliar na definição do método de melhoramento mais apropriado para a população em estudo.

Esses parâmetros são estimados a partir de amostras, e, em seguida, extrapolados para as populações das quais foram retiradas tais amostras. O tamanho ideal de uma amostra, entretanto, não está ainda definido, e a literatura aponta tamanhos que variam de 50 a 1000 progênies.

O objetivo do presente trabalho foi avaliar o efeito do aumento do tamanho da amostragem na determinação de parâmetros genéticos. Para tanto, foram empregadas 100 progênies intrapopulacionais de meios irmãos e 100 progênies intrapopulacionais de irmãos germanos, ambas da população de milho ESALQ-PB 4. As progênies encontravam-se divididas em grupos de 25, havendo, assim, quatro experimentos. Cada experimento foi instalado em dois locais, e cada local apresentava duas repetições. O delineamento estatístico utilizado em cada experimento foi o de blocos casualizados.

Foram quatro, portanto, os tamanhos avaliados (25, 50, 75 e 100 progênies). Os tamanhos de 75 e de 100 progênies, tanto para as progênies de meios irmãos como para as progênies de irmãos germanos, mostraram-se adequados para estimar parâmetros genéticos relacionados ao caráter peso de espigas. Em relação aos caracteres altura da planta e altura da espiga, os tamanhos de 75 e de 100, nas progênies de meios irmãos, apresentaram-se como apropriados para estimar tais parâmetros, enquanto que, nas progênies de irmãos germanos, não foi possível determinar qual o tamanho recomendável, uma vez que foi verificado, para ambos os caracteres, nos tamanhos correspondentes a 100 progênies, um súbito aumento na estimativa da variância genética. Os caracteres posição relativa da espiga e índice de espigas praticamente não apresentaram variância genética, tanto nas progênies de meios irmãos como nas progênies de irmãos germanos, impossibilitando, também, dessa forma, a determinação do tamanho adequado para estimar parâmetros.

As correlações genéticas entre os caracteres peso de espigas, altura da planta e altura da espiga apresentaram-se estáveis entre os diferentes tamanhos das amostras, em ambos os tipos de progênie, ao passo que as demais se revelaram como inconsistentes, possivelmente em razão da ausência de variância genética detectada para os caracteres posição relativa da espiga e índice de espigas.

SAMPLE SIZES TO ESTIMATE GENETIC PARAMETERS IN MAIZE **(*Zea mays* L.)**

Author: FRANCISCO PINHEIRO LIMA NETO

Adviser: Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR

SUMMARY

In plant breeding programs, genetic and phenotypic parameters are usually estimated as genetic variances, heritabilities and expected and correlated responses to selection. These parameters are useful for the choice of the appropriated breeding method to be utilized.

Genetic and phenotypic parameters are estimated from samples of populations. Then, these estimated parameters are supposed to be close from the real parameters of the populations. In other words, it is supposed that the samples are representative of the populations being studied. Up to now, however, the sample size for maize has not been established, and the number of progenies that have been used varies from 50 to 1000, as have been reported in literature.

The objective of this thesis was to evaluate the effects of the sample size in the estimates of genetic parameters. One hundred half-sib progenies and one hundred full-sib progenies from ESALQ-PB 4 maize population were used. The progenies were divided in sets of twenty five, and then we had four experiments for each type of progenie. The experiments were carried out in two environments (locations), with two replications per environment, in the randomized complete block design.

Four sample sizes were evaluated, i. e., 25, 50, 75 and 100 progenies. The estimates of genetic parameters and their standard erros showed that 75 and 100 half-sib and full-sib progenies would be adequate to estimate genetic parameters for ear weight. For plant and ear height, the adequate sample size is 75, for half-sib progenies, whereas, for full-sib progenies, it was not possible to determine the sample size, because of problems related to a sharply and unexpected increase in the genetic variance estimate with 100 progenies. Anyway, it seems that 75 full-sib progenies may be adequate for these purposes. For ear placement and ears per plant, it was not possible to get any information, because, for these traits, the genetic variance was not different from zero.

The genetic correlations among the characters ear weight, plant height and ear height did not show any significant difference with the changes of sample sizes, for both types of progenie. However, the genetic correlations involving the others traits changed with different sample sizes, which may be due the low magnitudes of the genetic variances for ear placement and ears per plant.

1. INTRODUÇÃO

O milho é um cereal de origem americana. Antes da colonização européia do continente, o milho já se constituía em um dos produtos alimentares mais importantes para as populações nativas, principalmente por causa do seu alto valor nutritivo (CARVALHO & PEIXOTO, 1991).

A importância desse cereal não se restringe ao fato de ser produzido em grande volume e sobre imensa área cultivada, mas também pelo papel sócio-econômico que representa. É usado diretamente na alimentação humana, como também na de animais domésticos. Constitui matéria-prima para uma série de produtos industrializados, movimentando grandes complexos industriais, graças aos quais milhares de empregos, direta ou indiretamente, são criados (INSTITUTO CAMPINEIRO DE ENSINO AGRÍCOLA, 1987).

Nos atuais programas de melhoramento, graças ao desenvolvimento das teorias da Genética Quantitativa, parâmetros genéticos, tais como variância genética, ganho de seleção e coeficientes de herdabilidade e de correlação, são normalmente estimados. Tais parâmetros possibilitam a obtenção de progressos esperados e de respostas correlacionadas na seleção, bem como auxiliam na definição do método de melhoramento mais apropriado para a população e para o caráter em questão.

Esses parâmetros são estimados a partir de uma amostra retirada da população em estudo. Uma vez estimados, deverão ser extrapolados para a população de onde foi retirada a amostra. Segundo COCKERHAM (1963), estimativas de parâmetros genéticos referem-se a populações específicas, das quais o material experimental é uma amostra de um grupo de condições ambientais específicas. A amostra deverá ter, portanto, um tamanho adequado, a fim de que os parâmetros estimados sejam realmente representativos da população original.

Entretanto, não existem ainda, na literatura, estudos que indiquem qual o tamanho ideal da amostra a ser utilizada na determinação de tais parâmetros. De acordo com PATERNIANI (1968), um programa de melhoramento baseado na seleção entre e

dentro de famílias de meios irmãos deve ser iniciado com cerca de 500 progênies, a fim de que não haja uma redução muito drástica na variância genética. Esse número poderá ser diminuído nos ciclos posteriores, porém não deverá ser muito inferior a 300. Artigos encontrados nessa área, porém, indicam tamanhos de amostras que variam de 50 a 1000 progênies (SOUZA JÚNIOR, 1994)¹.

Amostras muito pequenas podem apresentar problemas de representatividade. Amostras muito grandes podem gerar problemas com a experimentação. Contudo, espera-se que, quanto maior for a amostra, até um certo limite, mais representativas da população serão as estimativas obtidas.

O presente trabalho objetiva, assim, avaliar o efeito do aumento do tamanho da amostragem na determinação de parâmetros genéticos (variâncias genéticas, variâncias fenotípicas, herdabilidades, ganhos de seleção e correlações genéticas), em dois tipos de progênie (meios irmãos e irmãos germanos). Assim, tais parâmetros serão estimados e, portanto, terão suas respectivas magnitudes avaliadas para diferentes tamanhos de amostras.

O tamanho adequado da amostra dependerá da estabilidade das estimativas e dos erros a elas associados. Os erros associados representam as amplitudes nas quais as estimativas poderão ser encontradas, supondo uma repetibilidade das amostragens. Dessa forma, quanto menores os valores de tais amplitudes, mais precisas serão as estimativas obtidas.

---

¹ SOUZA JÚNIOR, C. L. (Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP, Piracicaba, SP) Comunicação pessoal, 1994.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Parâmetros genéticos

ALLARD (1964), HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) e SOUZA JÚNIOR (1989) relatam que FISHER (1918) foi o primeiro a decompor a variância genotípica de um caráter em três componentes: 1. a variância genética aditiva, em razão dos efeitos médios dos genes; 2. a variância genética dominante, em virtude dos efeitos das interações intraalélicas; 3. a variância genética epistática, em função dos efeitos das interações interalélicas. Trabalhos posteriores, dos mais diversos autores, ampliaram o estudo da decomposição da variância genética, com a inclusão dos efeitos da endogamia (COCKERHAM, 1983, e SOUZA JÚNIOR, 1989). Outros trabalhos enfocaram, ainda, a decomposição da variância genética para híbridos e para populações de espécies intermediárias (COCKERHAM & WEIR, 1984).

De acordo com VENCOVSKY & BARRIGA (1992), os parâmetros componentes da variação fenotípica de um caráter são estimados a partir de quadrados médios, provenientes da análise de variância de dados experimentais. Após a obtenção de tais quadrados médios, são estabelecidas as suas respectivas esperanças matemáticas, de acordo com o modelo matemático correspondente ao delineamento estatístico utilizado. A resolução das equações resultantes fornece, portanto, as estimativas dos componentes da variação fenotípica do caráter em questão.

Em ensaios experimentais realizados em dois ou mais ambientes, o desdobramento da variação fenotípica fornece, também, a estimativa da variância das interações entre locais e genótipos. Tal estimativa, quando o ensaio é montado em apenas um ambiente, não pode ser determinada, e aparece incrementando a estimativa da variância genética (RAMALHO, 1977). O conhecimento das interações entre locais e genótipos orienta no planejamento e nas estratégias de melhoramento, bem como na recomendação de cultivares (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992).

A efetividade de uma seleção dependerá da magnitude da variação genética expressa na variação fenotípica de um caráter. A proporção da variância genética sobre a variância fenotípica total, ou seja, a herdabilidade, guiará a escolha do método de melhoramento mais apropriado para a população em questão (FEHR, 1981).

A quantidade de variabilidade genética determinará, portanto, o ganho de seleção. Contudo, um aumento em tal valor pode ser conseguido, também, através de um incremento no diferencial de seleção, ou então por meio do controle dos fatores ambientais, isto é, por meio de um decréscimo da variância fenotípica entre as unidades de seleção. A redução desse parâmetro, em casos onde a seleção é baseada em médias de famílias, é obtida através do aumento do número de repetições, ou através do aumento do número de ambientes (locais e anos) (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981).

2.2. Coeficiente de correlação genética

Os coeficientes de correlação são importantes para o melhoramento de plantas, pois medem o grau de associação, genética e não genética, entre caracteres. A correlação fenotípica entre dois caracteres pode ser desdobrada em componentes, sendo assim possível a determinação da correlação genética. Tal fato decorre em função do meio ambiente, cuja ação pode provocar correlações, positivas ou negativas, entre os caracteres, de natureza unicamente ambiental (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992).

Uma correlação genética, como relatam HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981), GALLAIS (1990) e VENCOVSKY & BARRIGA (1992), pode ter, como causas, efeitos pleiotrópicos dos genes, quando estes governam simultaneamente vários caracteres, ou desequilíbrios de ligação, que ocorrem quando os genes estão localizados na mesma unidade de segregação, e são, assim, transmitidos juntos para a geração seguinte.

A principal implicação do estudo das correlações reside nas respostas correlacionadas à seleção. Estimativas desses parâmetros permitem quantificar a magnitude da alteração em um caráter y, quando um caráter x é selecionado. O estudo das relações existentes entre os caracteres é, pois, fundamental, já que, no melhoramento, há sempre a preocupação com o conjunto dos caracteres, e não apenas com os caracteres isolados (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992).

2.3. Estimativas de parâmetros genéticos

Os diversos artigos que relatam estimativas de parâmetros genéticos em milho são descritos a seguir.

PATERNIANI (1967) relata estimativas da variância genética entre progênies de meios irmãos, na população Dente Paulista, para o caráter produção de grãos, em três ciclos de seleção. Os valores encontrados, em $(g/planta)^2$, foram: 188,25, avaliando 227 progênies, para o ciclo original, 89,75, avaliando 300 progênies, para o ciclo 1, 53,00, avaliando 231 progênies, para o ciclo 2, e 66,25, avaliando 288 progênies, para o ciclo 3.

PATERNIANI (1968) relata estimativas da variância genética entre progênies de meios irmãos, na população Piramex, para o caráter produção de grãos, em quatro ciclos de seleção. Os valores encontrados, em $(g/planta)^2$, foram: 189,50, para o ciclo original, avaliando 100 progênies, 39,25, para o ciclo 1, avaliando 171 progênies, 45,00, para o ciclo 2, avaliando 279 progênies, 13,00, para o ciclo 3, avaliando 292 progênies, e 43,75, para o ciclo 4, avaliando 294 progênies.

CARMO (1969), avaliando progênies de meios irmãos, estimou valores para a variância genética entre progênies e para a variância do erro experimental, para o caráter produção de grãos. Os valores estimados, em $(g/planta)^2$, foram, respectivamente: 97,00 e 330,00, para o Dentado Composto A, grãos brancos, com 77 progênies avaliadas, 86,00 e 260,00, para o Dentado Composto A, grãos amarelos, com 77 progênies avaliadas, 118,00 e 550,00, para a população resultante do cruzamento Dentado Composto A (grãos brancos) x Duro Composto A, com 96 progênies avaliadas, e 120,00 e 518,00, para a população resultante do cruzamento Dentado Composto A (grãos amarelos) x Duro Composto A, com 96 progênies avaliadas.

QUEIROZ (1969) avaliou 96 progênies da população Composto Dentado (grãos amarelos) e 96 progênies da população Composto Dentado (grãos brancos), ambas de meios irmãos. Dentre outros, analisou os seguintes caracteres: produção de grãos (PG), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE). Para a variância genética entre progênies, encontrou os seguintes resultados, para PG, em $(g/planta)^2$: 101,75 (grãos amarelos) e 81,75 (grãos brancos). Para AP, em $(cm/planta)^2$: 114,50 (grãos amarelos) e 167,00 (grãos brancos). Para AE, em $(cm/planta)^2$: 99,25 (grãos amarelos) e 137,00 (grãos brancos). Para as correlações genéticas PGxAP, PGxAE e APxAE, obteve,

respectivamente, -0,07, -0,06 e 0,87, para grãos amarelos, e -0,22, -0,22 e 0,89, para grãos brancos.

SILVA (1969) avaliou 188 progênies de meios irmãos da população Cateto Colômbia, no ciclo original, e 188 progênies, também de meios irmãos, no ciclo 1 de seleção. Para o caráter produção de grãos, obteve, como estimativas para a variância genética entre progênies e para a variância do erro experimental, respectivamente, 114,50 e 526,00 (g/planta)², para o ciclo original, e 75,50 e 153,00 (g/planta)², para o ciclo 1.

ZINSKY (1969) relata estimativas da variância genética entre progênies de meios irmãos, para o caráter produção de grãos, em três populações, utilizando 194 progênies de cada uma. Os valores encontrados foram, respectivamente, 36,25, 138,08 e 10,25 (g/planta)², para as populações Cateto, Dente Paulista e Caincang.

MARQUEZ-SANCHEZ & HALLAUER (1970) estudaram, na população de milho Iowa Synthetic BB, a influência do tamanho da amostra na estimativa de parâmetros genéticos. Estimativas da variância genética foram obtidas para diferentes números de machos, cada um cruzado com um número constante de fêmeas, e para diferentes números de fêmeas cruzadas por macho. Concluíram, para o caráter produção de grãos, que pelo menos quatro fêmeas por macho deveriam ser utilizadas, e, em relação ao número de machos, concluíram que pelo menos 48 machos, cruzados com seis a oito fêmeas, deveriam ser empregados.

MIRANDA FILHO *et alii* (1972) estimaram a variância genética entre progênies, para o caráter produção de grãos, em dois compostos, o Composto Dentado e o Composto Flint, utilizando, respectivamente, 700 e 800 progênies de meios irmãos. Os valores encontrados foram 110,05 e 49,50 (g/planta)², também respectivamente. De amostras dessas progênies, MIRANDA FILHO *et alii* (1974) obtiveram estimativas da variância genética para os caracteres altura da planta (AP) e altura da espiga (AE). Os valores encontrados foram 52,00 e 77,00 (cm/planta)², para AP, e 68,00 e 56,00 (cm/planta)², para AE, para os compostos Dentado e Flint, respectivamente. O coeficiente de correlação genética entre AP e AE foi igual a 0,70, no Dentado, e a 0,50, no Flint.

SUAREZ LEZCANO (1976), avaliando 500 progênies de meios irmãos da população Composto Flint Branco, obteve, para o caráter produção de grãos, a estimativa de 74,65 (g/planta)², para a variância genética entre progênies, e a estimativa, para a variância do erro experimental, de 236,36 (g/planta)². Para a variância fenotípica entre médias de progênies, obteve a estimativa de 153,44 (g/planta)².

TORRES SEGOVIA (1976) relata estimativas da variância genética entre progênes de meios irmãos na população Centralmex, para o caráter produção de grãos, referentes a seis ciclos de seleção. Os valores encontrados, em $(g/planta)^2$, foram: 28,03, 63,03, 28,93, 41,79, 85,84, 81,69 e 97,25, para os ciclos C_0 , C_1 , C_2 , C_3 , C_4 , C_5 e C_6 , respectivamente, avaliando 285, 291, 294, 284, 388, 500 e 500 progênes, também respectivamente.

CUNHA (1976) avaliou 700 progênes de meios irmãos da população ESALQ-HV1-MII e 500 progênes de meios irmãos da população ESALQ-HV1-MII-HSI, obtendo as seguintes estimativas, para a variância genética entre progênes, para a variância do erro experimental e para a variância fenotípica entre médias de progênes, para o caráter produção de grãos, em $(g/planta)^2$: 151,58, 298,70 e 292,20, para a população ESALQ-HV1-MII, e 84,30, 244,00 e 182,40, para a população ESALQ-HV1-MII-HSI.

RAMALHO (1977) apresentou um resumo de trabalhos desenvolvidos no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ), nos quais estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, para o caráter produção de grãos, ao nível de plantas individuais, haviam sido obtidas, para diferentes populações de milho, através de progênes de meios irmãos. Os números de progênes utilizadas, envolvendo 30 populações, variaram de 96 a 800. A estimativa média das variâncias genéticas entre progênes foi de $80,00 (g/planta)^2$. Os valores variaram de 189,50 a $10,25 (g/planta)^2$. As estimativas da variância do erro experimental variaram de 654,00 a $135,00 (g/planta)^2$. O autor observa, ainda, que as estimativas foram obtidas a partir de experimentos conduzidos, na maioria dos casos, em apenas uma localidade e num único ano. Assim, existe a possibilidade de que os valores correspondentes às variâncias genéticas entre progênes tenham sido superestimados, uma vez que o componente de variação resultante das interações entre genótipos e ambientes não foi isolado. No entanto, as estimativas obtidas foram semelhantes a estimativas provenientes de ensaios realizados em mais de um ambiente. COMSTOCK & MOLL (1963) argumentam que tal fato ocorre porque as progênes de meios irmãos não liberam quantidade suficiente de variância genética.

O trabalho de RAMALHO (1977) foi complementado por SAMPAIO (1986), que acrescentou novos trabalhos à tabela originalmente montada. Esses novos trabalhos apresentavam números de progênes que variavam de 100 a 1000. As estimativas da variância genética entre progênes apresentaram, como média, o valor de

78,23 (g/planta)², e uma amplitude de 20,75 a 156,50 (g/planta)². As estimativas da variância do erro experimental variaram de 357,00 a 19,00 (g/planta)².

GERALDI (1977) estimou parâmetros genéticos em três populações, utilizando 200 progênies de meios irmãos de cada uma delas. Para o caráter produção de grãos, as estimativas para a variância genética entre progênies, para a variância do erro experimental e para a variância fenotípica entre médias de progênies, todas em (g/planta)², foram, respectivamente, 20,68, 332,86 e 153,82, para o Composto Dentado Branco, 47,64, 204,26 e 129,34, para o Composto Flint Branco, e 77,10, 357,46 e 220,09, para a Variedade Centralmex.

MIRANDA *et alii* (1977a) relatam os resultados obtidos em oito ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos na população IAC-1. No ciclo original, foram utilizadas 162 progênies, enquanto que, do ciclo 1 ao 4, foram usadas 196, e, do ciclo 5 ao 7, foram avaliadas 169 progênies. Os autores concluíram que, para a produção de grãos, a amplitude do parâmetro variância genética entre progênies foi pequena e aparentemente aleatória. A herdabilidade ao nível de médias de progênies sofreu, também, uma pequena variação com o decorrer dos ciclos, situando-se entre os valores 8,84 e 22,49 %.

MIRANDA *et alii* (1977b) obtiveram estimativas de parâmetros genéticos para a população IAC-1 Opaco 2, na qual o método de seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos também estava sendo empregado. No ciclo original e no ciclo 1, foram utilizadas 169 progênies, enquanto que, no ciclo 2, com introdução, através de algumas linhagens, de fatores de prolificidade, foram usadas 49, e, no ciclo 3, com a mesma introdução, 169. Para o caráter produção de grãos, os autores observaram que houve, do ciclo 0 para o ciclo 1, uma brusca redução na variância genética entre progênies. No entanto, com a introdução dos fatores de prolificidade, ocorreu um aumento na variabilidade. A herdabilidade ao nível de médias de progênies situou-se entre 29,80 e 43,80 %, havendo um comportamento semelhante, isto é, uma redução brusca na passagem do ciclo original ao ciclo 1 e, em seguida, uma elevação, com a introdução dos fatores de prolificidade.

CRISÓSTOMO & ZINSLY (1977), analisando 100 progênies de meios irmãos da população ESALQ-A e 100 progênies de meios irmãos da população ESALQ-B, obtiveram, para o caráter produção de grãos, as seguintes estimativas, para a variância genética entre progênies e para a variância do erro experimental: 107,00 e 346,00 (g/planta)², para a ESALQ-A, e 96,00 e 247,00 (g/planta)², para a ESALQ-B. Para o

caráter altura da planta, obtiveram: 57,33 e 78,40 (cm/planta)², para a ESALQ-A, e 109,03 e 256,50 (cm/planta)², para a ESALQ-B. Para o caráter altura da espiga, obtiveram: 88,63 e 73,40 (cm/planta)², para a ESALQ-A, e 77,33 e 35,80 (cm/planta)², para a ESALQ-B. Os valores para as correlações genéticas entre produção de grãos e altura da planta, entre produção de grãos e altura da espiga e entre altura da planta e altura da espiga, foram, respectivamente, -0,27, -0,29 e 0,83, para a ESALQ-A, e 0,27, 0,13 e 0,77, para a ESALQ-B.

LIMA (1977) estimou a variância genética entre progênies de meios irmãos, para três populações, em sucessivos ciclos de seleção, para o caráter produção de grãos. As estimativas corresponderam, em (g/planta)², a 109,70, para a população ESALQ-VD-2-MI, com 700 progênies avaliadas, a 94,44, para a população ESALQ-VD-2-MI-HSI, com 500 progênies avaliadas, e a 86,08, para a população ESALQ-VD-2-MI-HSII, com 500 progênies avaliadas.

LIMA & PATERNIANI (1977), a partir de 50 progênies obtidas ao acaso dentre as 500 originais da população ESALQ-VD-2-MI-HSII, obtiveram, como valores para a variância genética entre progênies, 166,00 (g/planta)², 81,83 (cm/planta)² e 53,95 (cm/planta)², para os caracteres produção de grãos (PG), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), respectivamente. Como valores para as correlações genéticas entre os caracteres, encontraram -0,23, para PGxAP, -0,10, para PGxAE, e 0,76, para APxAE.

WINKLER (1977) avaliou 500 progênies de meios irmãos da população Composto Dentado Branco. Para o caráter produção de grãos, obteve, como estimativas para a variância genética entre progênies e para a variância do erro experimental, os valores, em (g/planta)², de 52,00 e de 322,00.

MIRANDA FILHO (1977), analisando 1000 progênies de meios irmãos da população ESALQ-PB 1, encontrou o valor de 68,63 (g/planta)², para a variância genética entre progênies, para o caráter produção de espigas. Tal valor apresentou-se, portanto, como intermediário entre os valores do mesmo parâmetro encontrados para os compostos Dentado e Flint (MIRANDA FILHO *et alii*, 1972).

MIRANDA FILHO (1978), utilizando as mesmas 1000 progênies da população ESALQ-PB 1, encontrou os seguintes valores para a variância genética entre progênies, para os caracteres altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), em (cm/planta)²: 64,50, para AP, e 50,50, para AE. O valor para AP foi intermediário entre aqueles encontrados para os compostos Dentado e Flint (MIRANDA FILHO *et alii*, 1974), enquanto que o encontrado para AE foi inferior aos obtidos para os dois

compostos (MIRANDA FILHO *et alii*, 1974). Os valores para a variância do erro experimental foram, em (cm/planta)²: 55,11, para AP, e 36,16, para AE. Os coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de progêneses equivaleram a 53,14 %, para AP, e a 55,19 %, para AE.

Avaliando 500 progêneses de meios irmãos da mesma população, no segundo ciclo de seleção, MIRANDA FILHO (1979) encontrou, para o caráter produção de espigas, o valor de 60,27 (g/planta)², para a variância genética entre progêneses, havendo, pois, uma ligeira alteração, em comparação com a estimativa obtida no primeiro ciclo. A estimativa do erro experimental alterou-se, do primeiro para o segundo ciclo, de 393,31 para 349,51 (g/planta)². O coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progêneses passou de 19,95 para 19,77 %.

GHINI & MIRANDA FILHO (1979) avaliaram 147 progêneses de meios irmãos da mesma população ESALQ-PB 1, em seu segundo ciclo de seleção, e estudaram os caracteres altura da planta (AP) e altura da espiga (AE). Obtiveram, para a variância genética entre progêneses e para a variância do erro experimental, os valores de 78,24 e de 45,16 (cm/planta)², para AP, e de 43,55 e de 33,91 (cm/planta)², para AE. Observa-se, portanto, que houve um acréscimo na variância genética entre progêneses, para AP, e um decréscimo, no mesmo parâmetro, para AE, em relação aos valores encontrados por MIRANDA FILHO (1978), para a mesma população, na fase anterior de seleção (respectivamente 64,50 e 50,50). Como valores para os coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de progêneses, encontraram, para AP, 74,46 %, e, para AE, 68,44 %.

ANDRADE & MIRANDA FILHO (1980), a partir dos dados analisados por GHINI & MIRANDA FILHO (1979), avaliando as 147 progêneses de meios irmãos intrapopulacionais da população ESALQ-PB 1, em seu segundo ciclo de seleção, encontraram valores positivos para as correlações genéticas entre os caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e posição relativa da espiga (AE/AP). Tais valores foram 0,84, para a correlação APxAE, 0,21, para a APxAE/AP, e 0,71, para a AExAE/AP. Foi verificado, portanto, que AE/AP se apresenta mais fortemente correlacionado com AE do que com AP.

SAWAZAKI (1979) avaliou 13 ciclos de seleção entre e dentro de progêneses de meios irmãos, para o caráter produção de grãos, na variedade IAC Maya. Entre os ciclos 0 e 5, analisou 196 progêneses, por ciclo. Entre os ciclos 6 e 8, 169 progêneses, por ciclo. No ciclo 9, 105 progêneses. No ciclo 10, 86. Nos ciclos 11 e 12,

analisou 169 progênies, por ciclo. E, finalmente, no ciclo 13, analisou 168 progênies (houve perda de uma progênie). A variância genética entre progênies variou de 134,83 a 11,75 (g/planta)², no decorrer dos ciclos. O erro a ela associado situou-se entre as porcentagens de 16,45 e 42,62. A herdabilidade ao nível de médias de progênies oscilou entre 67,30 e 9,49 %.

SOUZA JÚNIOR *et alii* (1980a) avaliaram 100 progênies de meios irmãos da população Suwan. Os caracteres considerados foram altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (AE/AP), prolificidade (IE), produção de grãos (PG) e número de ramificações do pendão (NR). Foram estimados os parâmetros variância genética entre progênies, variância do erro experimental e variância fenotípica entre médias de progênies. Os valores para a variância genética entre progênies foram assim estimados: 63,59 (g/planta)², para PG, 44,14 (cm/planta)², para AP, 56,02 (cm/planta)², para AE, $9,86 \times 10^{-4}$, para AE/AP, e $31,62 \times 10^{-4}$, para IE. Os valores para a variância do erro experimental foram os seguintes: 56,22 (g/planta)², para PG, 78,35 (cm/planta)², para AP, 36,82 (cm/planta)², para AE, $2,03 \times 10^{-4}$, para AE/AP, e $168,81 \times 10^{-4}$, para IE. Para a variância fenotípica entre médias de progênies, as estimativas obtidas foram: 86,08 (g/planta)², para PG, 87,34 (cm/planta)², para AP, 79,77 (cm/planta)², para AE, $13,36 \times 10^{-4}$, para AE/AP, e $87,89 \times 10^{-4}$, para IE.

SOUZA JÚNIOR *et alii* (1980b) estimaram correlações genéticas entre os caracteres, utilizando as 100 progênies de meios irmãos da população Suwan. PG mostrou-se positivamente correlacionado com IE (0,94) e com AP (0,28), mas negativamente correlacionado com AE (-0,03) e com AE/AP (-0,28), o que sugere que plantas mais produtivas apresentam uma posição relativa da espiga menor. A correlação entre IE e AP foi de 0,65, a entre IE e AE de 0,16, e a entre IE e AE/AP foi igual a -0,03. A correlação entre AE/AP e AE (0,79) também foi maior que aquela apresentada entre AE/AP e AP (0,32), o que indica que a posição relativa da espiga deve ser mais determinada pela altura da espiga do que pela altura da planta. AP e AE apresentaram-se positivamente correlacionados (0,74).

RISSI & PATERNIANI (1981) analisaram progênies de meios irmãos de duas subpopulações da variedade Piranão, denominadas Piranão A e Piranão B. Para o caráter peso de espigas (PE), obtiveram as seguintes estimativas, a partir de 500 progênies de cada subpopulação, para a variância genética entre progênies, para a variância do erro experimental e para a variância fenotípica entre médias de progênies: 85,23, 209,88 e 169,25 (g/planta)², para a Piranão A, e 156,51, 157,32 e 221,28

(g/planta)², para a Piranão B. Para o caráter altura da planta (AP), analisaram 200 progênies de cada subpopulação, obtendo as seguintes estimativas: 75,42, 13,72 e 98,88 (cm/planta)², para a Piranão A, e 117,24, 13,10 e 138,77 (cm/planta)², para a Piranão B. Para o caráter altura da espiga (AE), também a partir de 200 progênies de cada subpopulação, obtiveram: 51,23, 13,45 e 73,76 (cm/planta)², para a Piranão A, e 64,61, -0,73 e 78,47 (cm/planta)², para a Piranão B. Os coeficientes de correlação genética obtidos para PExAP, para PExAE e para APxAE foram, respectivamente, 0,44, 0,44 e 0,79, para a Piranão A, e 0,32, 0,30 e 0,75, para a Piranão B.

LORDELO & MIRANDA FILHO (1981) estimaram parâmetros genéticos para os caracteres produção de grãos (PG), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e posição da espiga (AE/AP), nas populações Piranão-VD 2 e Piranão-VF 1. 300 progênies de meios irmãos de cada população foram avaliadas. As correlações genéticas PGxAP, PGxAE, PGxAE/AP, APxAE, APxAE/AP e AExAE/AP encontradas, para a Piranão-VD 2, foram, respectivamente: 0,51, 0,55, 0,37, 0,84, 0,17 e 0,68. Para a Piranão-VF 1, também respectivamente, foram: 0,06, 0,27, 0,06, 0,90, 0,46 e 0,48. Os valores encontrados para a variância genética entre progênies foram, respectivamente, para os caracteres PG, em (g/planta)², AP, em (cm/planta)², AE, em (cm/planta)², e AE/AP: 79,80, 76,68, 49,14 e 0,60, para a população Piranão-VD 2, e 69,04, 109,90, 63,03 e 0,60, para a população Piranão-VF 1.

MÔRO (1982), visando verificar o efeito da seleção sobre a variância genética da população CM05, avaliou 100 progênies S₁ da população original e 100 progênies S₁ da mesma população, no ciclo 1 de seleção. Foram estudados os caracteres produção de grãos, altura da planta e altura da espiga. Para a produção de grãos, os resultados indicaram que o processo de seleção elevou a estimativa da variância genética entre progênies, ou seja, a estimativa da variância genética entre as progênies obtidas da população no ciclo 1 de seleção foi maior que a estimativa da variância genética entre as progênies obtidas da população original. Para os caracteres altura da planta e altura da espiga, a conclusão é a mesma, ou seja, as estimativas da variância genética entre progênies foram maiores no experimento com a população no ciclo 1 de seleção.

AGUILAR MORAN (1984) avaliou 200 progênies de meios irmãos do material sintético MISFPB, como também 200 progênies, também de meios irmãos, do material sintético MISDPB. Analisou os caracteres produção de grãos (PG), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE). Estimou os parâmetros variância genética entre progênies, variância do erro experimental, variância fenotípica entre médias de progênies

e o coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênes. Para o caráter PG, as estimativas foram, respectivamente: 38,15, 57,43, 105,81 (g/planta)² e 36,06 %, para MISFPB, e 97,29, 19,21, 186,65 (g/planta)² e 52,12 %, para MISDPB. Para o caráter AP: 54,36, 28,92, 97,54 (cm/planta)² e 55,73 %, para MISFPB, e 85,45, 131,12, 199,93 (cm/planta)² e 42,74 %, para MISDPB. Para o caráter AE: 11,53, 3,21, 25,89 (cm/planta)² e 44,54 %, para MISFPB, e 35,58, 65,13, 96,11 (cm/planta)² e 37,02 %, para MISDPB. As correlações genéticas PGxAP, PGxAE e APxAE foram, respectivamente: 0,50, 0,55 e 0,98, na MISFPB, e 0,71, 0,71 e 1,04, na MISDPB.

BLANCO (1984) estimou parâmetros genéticos em duas populações, a Piranão-VD 2 e a Piranão-VF 1. De cada população, avaliou 300 progênes de meios irmãos. Analisou os caracteres peso de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE). Para o caráter PE, encontrou as seguintes estimativas para a variância genética entre progênes e para a variância do erro experimental: 367,05 e 354,59 (g/planta)², para a Piranão-VD 2, e 233,50 e 268,80 (g/planta)², para a Piranão-VF 1. Para o caráter AP: 79,31 e 84,31 (cm/planta)², para a Piranão-VD 2, e 60,29 e 135,46 (cm/planta)², para a Piranão-VF 1. Para o caráter AE: 69,71 e 53,38 (cm/planta)², para a Piranão-VD 2, e 34,88 e 60,39 (cm/planta)², para a Piranão-VF 1.

BLANCO *et alii* (1987) estimaram as correlações genéticas entre os três caracteres estudados, nas 300 progênes de cada uma das duas populações (Piranão-VD 2 e Piranão-VF 1). Houve forte associação positiva entre AP e AE: 0,72, para Piranão-VD 2, e 0,61, para Piranão-VF 1. Em relação às associações APxPE e AExPE, as correlações encontradas foram: APxPE correspondeu a 0,52, para Piranão-VD 2, e a 0,45, para Piranão-VF 1, enquanto os valores encontrados para AExPE foram 0,33, para Piranão-VD 2, e 0,24, para Piranão-VF 1.

ZIMBACK (1985) analisou 349 progênes de meios irmãos da subpopulação A, como também 349 da subpopulação B, ambas da variedade dentado braquítico opaco. Estimou os parâmetros variância genética entre progênes, variância do erro experimental e variância fenotípica entre médias de progênes, para o caráter peso de espigas, encontrando os seguintes valores: 210,96, 535,52 e 478,72 (g/planta)², para a subpopulação A, e 219,28, 490,56 e 464,56 (g/planta)², para a subpopulação B.

SANTOS & NASPOLINI FILHO (1986) realizaram três ciclos de seleção entre e dentro de progênes de meios irmãos na população Flint Composto Nordeste, no intuito de obter estimativas de parâmetros genéticos para o caráter peso de espigas e de verificar a variabilidade genética dessa população. Foram avaliadas, em cada ciclo, 500

progênes de meios irmãos. Obtiveram as seguintes estimativas, para a variância genética entre progênes, para a variância do erro experimental, para a variância fenotípica entre médias de progênes e para a herdabilidade ao nível de médias de progênes, respectivamente: 25,16, 184,71, 80,57 (g/planta)² e 31,22 %, para a população original, 18,66, 325,38, 116,28 (g/planta)² e 16,04 %, para o ciclo 1, 19,39, 309,23, 112,15 (g/planta)² e 17,28 %, para o ciclo 2, e 17,00, 154,98, 63,50 (g/planta)² e 26,77 %, para o ciclo 3. Como é possível observar, a variabilidade genética, expressa pela magnitude da variância genética entre progênes, sofreu um decréscimo do ciclo original para o ciclo 1, permanecendo mais ou menos constante nos subsequentes ciclos de seleção.

SANTOS & NASPOLINI FILHO (1986) obtiveram, ainda, estimativas de parâmetros genéticos na população Dentado Composto Nordeste, a fim de examinar a variabilidade genética relacionada ao caráter peso de espigas e de verificar a eficiência do método de seleção entre e dentro de progênes de meios irmãos, no decorrer, também, de três ciclos de seleção. Da mesma forma que na população Flint Composto Nordeste, avaliaram 500 progênes, por ciclo. Obtiveram as seguintes estimativas, para a variância genética entre progênes, para a variância do erro experimental, para a variância fenotípica entre médias de progênes e para a herdabilidade ao nível de médias de progênes, respectivamente: 40,15, 216,92, 105,23 (g/planta)² e 38,16 %, para a população original, 18,66, 325,38, 116,28 (g/planta)² e 16,04 %, para o ciclo 1, 36,87, 314,00, 131,07 (g/planta)² e 28,13 %, para o ciclo 2, e 23,06, 210,87, 86,32 (g/planta)² e 26,71 %, para o ciclo 3. Diferentemente do que ocorreu com a população Flint Composto Nordeste, a variabilidade genética, expressa através da variância genética entre progênes, apresentou uma significativa oscilação ao longo dos ciclos de seleção.

SAMPAIO (1986) analisou 343 progênes de meios irmãos da população ESALQ-PB 4 e 245 progênes de meios irmãos da população ESALQ-PB 5. Para o caráter peso de espigas (PE), encontrou as seguintes estimativas, para a variância genética entre progênes, para a variância do erro experimental e para a variância fenotípica entre médias de progênes: 106,16, 150,48 e 201,99 (g/planta)², para a população ESALQ-PB 4, e 60,81, 203,73 e 157,01 (g/planta)², para a população ESALQ-PB 5. Para o caráter altura da planta (AP): 80,09, 33,72 e 104,08 (cm/planta)², para a ESALQ-PB 4, e 50,70, 33,94 e 81,12 (cm/planta)², para a ESALQ-PB 5. Para o caráter altura da espiga (AE): 48,53, 19,48 e 65,49 (cm/planta)², para a ESALQ-PB 4, e 37,92, 21,66 e 56,59 (cm/planta)², para a ESALQ-PB 5. Os coeficientes de correlação genética encontrados foram: -0,19, para PExAP, 0,33, para PExAE, e 0,82, para APxAE,

na população ESALQ-PB 4, e 0,38, para PExAP, -0,01, para PExAE, e 0,78, para APxAE, na população ESALQ-PB 5.

TOSELLO *et alii* (1987), a partir de uma amostra de 364 progênies de meios irmãos da população ESALQ VD opaco, estimaram parâmetros genéticos para os caracteres produção de grãos (PG), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE). As estimativas obtidas para a variância genética entre progênies, para a variância do erro experimental e para a variância fenotípica entre médias de progênies foram: 83,36, 501,44 e 334,08 (g/planta)², para PG, 46,96, 231,99 e 162,96 (cm/planta)², para AP, e 30,51, 181,25 e 121,14 (cm/planta)², para AE. As correlações genéticas encontradas entre os caracteres foram 0,18, para PGxAP, 0,36, para PGxAE, e 0,76, para APxAE. As estimativas de correlação entre PG e AP e entre PG e AE foram de baixa magnitude, o que indica que o caráter produção de grãos não é fortemente influenciado pelos caracteres altura da planta e altura da espiga.

SOARES FILHO (1987) estimou parâmetros genéticos em duas populações, a Piranão-VD2B e a Piranão-VF1B, em dois ciclos de seleção, avaliando, de cada uma, em cada ciclo, 300 progênies de meios irmãos. Para o caráter peso de espigas, obteve as seguintes estimativas, referentes ao primeiro ciclo de seleção, para a variância genética entre progênies, para a variância fenotípica entre médias de progênies e para a herdabilidade ao nível de médias de progênies: 26,14, 128,69 (g/planta)² e 20,32 %, para a Piranão-VD2B, e 33,34, 129,42 (g/planta)² e 25,76 %, para a Piranão-VF1B. Em relação ao segundo ciclo de seleção: 103,67, 212,60 (g/planta)² e 48,76 %, para a Piranão-VD2B, e 114,20, 217,13 (g/planta)² e 52,59 %, para a Piranão-VF1B.

BASSOI (1987) avaliou 656 progênies de meios irmãos da população Piranão-HV 1, em dois locais, sendo 146 com endosperma dentado, 244 com endosperma dentado algo duro, 222 com endosperma semi-dentado, 38 com endosperma duro algo mole e 6 com endosperma duro. Analisou cinco caracteres: peso de espigas (PE), prolificidade (IE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e posição relativa da espiga (AE/AP). O coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênies foi estimado. Para o caráter PE, comparando-se as diferentes categorias de progênies, oscilou entre 3,00 e 62,70 %, local 1, e entre 44,00 e 67,80 %, local 2. Para o caráter IE, entre 21,80 e 59,60 %, local 1, e entre 35,10 e 60,60 %, local 2. Para o caráter AP, entre 45,30 e 60,40 %, local 1, e entre 47,40 e 57,80 %, local 2. Para o caráter AE, entre 33,50 e 56,00 %, local 1, e entre 18,70 e 56,80 %, local 2. Para o caráter AE/AP, entre 21,30 e 36,10 %, local 1, e entre 14,90 e 48,00 %, local 2.

CANTON (1988) avaliou oito ciclos de seleção recorrente na população Suwan DMR, utilizando progênies de meios irmãos. No ciclo 1, foram analisadas 384 progênies. No ciclo 2, foi realizada uma seleção massal estratificada. No ciclo 3, foram analisadas 399 progênies. No ciclo 4, 132. No ciclo 5, 167. No ciclo 6, 68. No ciclo 7, 51. E, no ciclo 8, foram analisadas 145 progênies. Em relação ao caráter produtividade de grãos, as estimativas para a variância genética entre progênies apresentaram, como média, o valor de $78,36 \text{ (g/planta)}^2$, e uma amplitude, também em (g/planta)^2 , de 69,97 a 653,24. Para o mesmo caráter, as estimativas para a variância fenotípica entre médias de progênies apresentaram, como média, o valor de $202,14 \text{ (g/planta)}^2$, e uma amplitude, também em (g/planta)^2 , de 60,20 a 399,60.

SOUZA JÚNIOR & MIRANDA FILHO (1989) estudaram os caracteres produção (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), em duas populações, a ESALQ-PB 1 e a BR-105. Obtiveram progênies de meios irmãos intra e interpopulacionais. Analisaram 93 pares de progênies, na população ESALQ-PB 1, e 98 pares, na população BR-105, para o caráter PE, e 60 pares, na ESALQ-PB 1, e 90 pares, na BR-105, para os caracteres AP e AE. Considerando-se as progênies intrapopulacionais, as seguintes estimativas para a variância genética entre progênies foram encontradas: $59,06 \text{ (g/planta)}^2$, caráter PE, $55,78 \text{ (cm/planta)}^2$, caráter AP, e $22,85 \text{ (cm/planta)}^2$, caráter AE, na população ESALQ-PB 1, e $45,26 \text{ (g/planta)}^2$, caráter PE, $64,97 \text{ (cm/planta)}^2$, caráter AP, e $17,52 \text{ (cm/planta)}^2$, caráter AE, na população BR-105.

HELMS *et alii* (1989) avaliaram cinco populações, utilizando 50 progênies S_2 de cada uma delas. O objetivo era determinar se, após um programa de seleção recorrente para produção de grãos, mudanças na variância genética haviam ocorrido. As populações eram: BSSSC0, a original, BSSS(R)C5, obtida após cinco ciclos de seleção recorrente recíproca, BSSS(R)C9, obtida após nove ciclos de seleção recorrente recíproca, BS13(S)C0, obtida após sete ciclos de seleção a partir de progênies de meios irmãos, e BS13(S)C3, obtida após três ciclos de seleção a partir de progênies S_2 da população BS13(S)C0. As populações BS13(S)C3 e BSSS(R)C5 apresentaram estimativas superiores para a variância genética entre progênies, quando comparadas com a estimativa obtida para a população original, enquanto que as populações BS13(S)C0 e BSSS(R)C9 apresentaram estimativas inferiores, também quando comparadas com a estimativa determinada para a população original. Com relação à herdabilidade ao nível de médias de progênies, apenas a população BSSS(R)C5

apresentou uma estimativa superior à estimativa encontrada para a população original.

MAMEDE (1991) estimou parâmetros genéticos e fenotípicos em duas populações, a ESALQ-VD 2 e a ESALQ-VF 1. Avaliou 200 progênies de meios irmãos de cada população. Analisou os caracteres peso de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), obtendo os parâmetros variância genética entre progênies, variância do erro experimental e variância fenotípica entre médias de progênies. Para o caráter PE, as estimativas foram, respectivamente, 60,18, -28,72 e 167,84 (g/planta)², para a ESALQ-VD 2, e 49,87, -41,88 e 137,17 (g/planta)², para a ESALQ-VF 1. Para o caráter AP: 60,00, 30,00 e 100,00 (cm/planta)², para a ESALQ-VD 2, e 60,00, 30,00 e 100,00 (cm/planta)², para a ESALQ-VF 1. Para o caráter AE: 70,00, 20,00 e 110,00 (cm/planta)², para a ESALQ-VD 2, e 70,00, 20,00 e 100,00 (cm/planta)², para a ESALQ-VF 1. As correlações genéticas encontradas foram, para PExAP, para PExAE e para APxAE, respectivamente: -0,10, -0,30 e 0,73, para a ESALQ-VD 2, e 0,03, -0,06 e 0,49, para a ESALQ-VF 1.

SANTOS & MIRANDA FILHO (1992) avaliaram o efeito da introgressão de genes de duas raças brasileiras (Cravo e Entrelaçado) na população ESALQ-PB 1. Para isso, avaliaram 196 progênies de meios irmãos de cada uma das seguintes populações: a ESALQ-PB 1, a população resultante do cruzamento entre Cravo e ESALQ-PB 1 e a população resultante do cruzamento entre Entrelaçado e ESALQ-PB 1. Em relação ao caráter peso de espigas, obtiveram, para a variância genética entre progênies, as seguintes estimativas: 25,12 (g/planta)², para a população ESALQ-PB 1, 46,54 (g/planta)², para a população Cravo x ESALQ-PB 1, e 70,76 (g/planta)², para a população Entrelaçado x ESALQ-PB 1. Como os resultados indicaram, ocorreu um aumento na variabilidade genética em função da introgressão de genes das duas raças brasileiras, sendo o incremento verificado no cruzamento Entrelaçado x ESALQ-PB 1 ainda mais evidente.

CHAVES & MIRANDA FILHO (1992), utilizando 147 progênies de meios irmãos da população ESALQ-PB 5, estudaram o efeito do tamanho da parcela na seleção de progênies. Para o caráter produção de grãos, foram estimados valores para a variância genética entre progênies para os seguintes tamanhos de parcelas: 1 m, 2 m, 3 m, 4 m e 5 m, havendo cinco plantas por metro. Os valores encontrados foram, respectivamente, 38,38, 43,30, 40,30, 42,33 e 53,05 (g/planta)². O erro associado apresentou um consistente decréscimo com o aumento do tamanho da parcela, o que indica uma elevação na precisão. As estimativas para a herdabilidade ao nível de médias

de progênies apresentaram uma contínua ascensão com o aumento do tamanho da parcela (respectivamente 22,63, 35,55, 40,35, 45,58 e 57,25 %), enquanto que o erro associado sofreu uma progressiva diminuição. Tal como ocorreu com a variância genética entre progênies, tal fato revela um incremento de precisão na obtenção das estimativas.

MARIOTE (1993) avaliou progênies de meios irmãos interpopulacionais de duas populações, a IG-1 e a IG-2. De cada população, avaliou 100 progênies. Para o caráter peso de espigas, obteve as seguintes estimativas, para a variância genética entre progênies, para a variância das interações entre progênies e locais, para a variância fenotípica entre médias de progênies e para a herdabilidade ao nível de médias de progênies, respectivamente: 43,70, 72,87, 111,31 (g/planta)² e 39,25 %, para IG-1, e 47,95, 137,39, 159,71 (g/planta)² e 30,00 %, para IG-2. Para os caracteres altura da planta e altura da espiga, estimou também a variância do erro experimental. Assim, para o caráter altura da planta, obteve as seguintes estimativas, para a variância genética entre progênies, para a variância das interações entre progênies e locais, para a variância fenotípica entre médias de progênies, para a variância do erro experimental e para a herdabilidade ao nível de médias de progênies, respectivamente: 15,40, 38,11, 39,35, 13,17 (cm/planta)² e 39,13 %, para IG-1, e 14,15, 37,31, 37,15, 13,48 (cm/planta)² e 38,08 %, para IG-2. Para o caráter altura da espiga, obteve as seguintes estimativas, para os mesmos parâmetros e nas mesmas unidades: 10,60, 21,58, 34,80, 4,03 e 30,45, para IG-1, e 8,90, 22,60, 23,35, 68,90 e 38,11, para IG-2.

SOUZA JÚNIOR *et alii* (1993) avaliaram duas populações, a BR-105 e a BR-106, em relação a seus respectivos potenciais genéticos para o melhoramento interpopulacional. Assim, obtiveram 200 progênies de meios irmãos interpopulacionais, para cada população. Estimaram, para o caráter peso de espigas, a variância genética entre progênies, a variância das interações entre progênies e locais, a variância fenotípica entre médias de progênies e a herdabilidade ao nível de médias de progênies, encontrando os seguintes valores, respectivamente: 34,15, 67,69, 117,47 (g/planta)² e 29,08 %, para a BR-105, e 36,41, 107,76, 110,92 (g/planta)² e 32,83 %, para a BR-106. Tais estimativas mostraram que os valores encontrados, para as duas populações, são muito próximos, com ligeira superioridade para aqueles obtidos quando a população BR-106 foi utilizada como fêmea.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material

A população de milho utilizada no presente trabalho, denominada de ESALQ-PB 4, foi obtida no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", sendo um composto resultante do cruzamento entre populações de polinização aberta, a Tuxpeño Crema I, a MEB I e a Antigua GP02. Esse material possui porte intermediário, ciclo semi-precoce e predominância de grãos do tipo dentado. É uma população segregante para grãos amarelos e brancos (SAMPAIO, 1986).

3.2. Execução experimental

O presente trabalho reúne um total de 200 progênies intrapopulacionais, sendo 100 progênies de meios irmãos e 100 progênies de irmãos germanos, ambas da população de milho ESALQ-PB 4. A semeadura dos experimentos foi realizada no mês de outubro de 1992.

As progênies foram distribuídas em quatro experimentos em blocos casualizados. Cada experimento continha, assim, 25 progênies de meios irmãos e 25 progênies de irmãos germanos, e estava dividido em dois locais, sendo que cada local apresentava duas repetições. Os locais nos quais foram instalados os experimentos foram as áreas experimentais Caterpillar e Areião, pertencentes ao Departamento de Genética da ESALQ/USP.

As parcelas foram constituídas por fileiras de quatro metros, espaçadas entre si por um metro, e o espaçamento entre plantas dentro das parcelas foi de 20 cm, restando, assim, 20 plantas por parcela após o desbaste.

3.3. Caracteres avaliados

Os caracteres avaliados foram:

- **Peso de espigas por planta (PE)** - Através do peso de espigas despalhadas, foi obtido o peso total de cada parcela, em gramas. Os dados foram corrigidos para o estande médio de cada experimento, através da análise de covariância, de acordo com a metodologia de VENCOVSKY & BARRIGA (1992).
- **Altura da planta (AP)** - A altura da planta correspondeu à distância, em centímetros, da superfície do solo ao local de inserção da última folha. Foram tomadas cinco plantas, em cada parcela, obtendo-se, em seguida, uma média entre os cinco valores.
- **Altura da espiga (AE)** - A altura da espiga correspondeu à distância, em centímetros, da superfície do solo ao nó de inserção da espiga mais alta. Também foram tomadas cinco plantas, em cada parcela (as mesmas cinco que forneceram os dados de altura da planta), obtendo-se, em seguida, uma média entre os cinco valores.
- **Posição relativa da espiga (AE/AP)** - Correspondeu ao quociente, em cada parcela, entre a altura média da espiga e a altura média da planta.
- **Índice de espigas (IE)** - Representa, para cada parcela, o quociente entre o número de espigas produzidas e o número de plantas (estande da parcela).

3.4. Análises estatísticas

As análises de variância foram feitas separadamente para cada tipo de progênie, com os dados dos quatro experimentos, individualmente, bem como através do agrupamento dos mesmos, para cada um dos cinco caracteres avaliados. As análises de covariância foram realizadas da mesma forma, considerando-se todas as combinações possíveis entre os cinco caracteres, totalizando-se, assim, dez análises. O delineamento estatístico empregado foi o de blocos casualizados.

3.4.1. Análises de variância

Foram realizadas análises de variância conjuntas, nas quais os dois locais de cada experimento foram reunidos. Foi adotado o seguinte modelo:

$$Y_{ijk} = m + p_i + b_{j(k)} + l_k + (pl)_{ik} + e_{ijk}, \text{ onde:}$$

Y_{ijk} é a observação da progênie i na repetição j do local k ;

m é a média geral do experimento;

p_i é o efeito da progênie i ;

$b_{j(k)}$ é o efeito da repetição j dentro do local k ;

l_k é o efeito do local k ;

$(pl)_{ik}$ é o efeito da interação entre a progênie i e o local k , e

e_{ijk} é o erro associado à parcela ij do local k .

As análises de variância conjuntas foram feitas considerando o modelo como aleatório (Tabela 1). Utilizando-se a análise de variância conjunta do experimento 1, foram estimados os parâmetros genéticos correspondentes às 25 primeiras progênies. Após as análises de variância individuais, os experimentos foram sucessivamente agrupados, a fim de que os parâmetros genéticos fossem não apenas estimados para 25 progênies, mas também para 50, para 75 e para 100 progênies. Assim, os experimentos 1 e 2 foram agrupados, para que os parâmetros genéticos fossem estimados para 50 progênies. A análise de variância referente ao agrupamento dos experimentos 1 e 2 pode ser visualizada na Tabela 2. Em seguida, os experimentos 1, 2 e 3 foram agrupados, com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos para 75 progênies (Tabela 3). Por fim, foram agrupados os experimentos 1, 2, 3 e 4, a fim de que fossem estimados os parâmetros genéticos para 100 progênies (Tabela 4).

3.4.2. Estimativas dos componentes de variância e da herdabilidade

Os parâmetros componentes da variação fenotípica de um caráter foram estimados segundo procedimentos descritos por VENCovsky & BARRIGA (1992), e que são:

- Variância genética entre progênes

$$\sigma_p^2 = (QM_P - QM_{PL}) / jk$$

- Variância das interações entre progênes e locais

$$\sigma_{PL}^2 = (QM_{PL} - QM_E) / j$$

- Variância do erro experimental

$$\sigma_E^2 = QM_E$$

- Variância fenotípica entre médias de progênes

$$\sigma_F^2 = QM_P / jk$$

- Herdabilidade ao nível de médias de progênes

$$h_x^2 = \sigma_p^2 / \sigma_F^2$$

onde:

QM_P = quadrado médio entre progênies;

QM_{PL} = quadrado médio das interações entre progênies e locais;

QM_E = quadrado médio do erro (ou resíduo);

j = número de repetições por local;

k = número de locais utilizados para cada experimento.

Além dos parâmetros acima, foram estimados o coeficiente de variação experimental (CV_e) e o coeficiente de variação genética (CV_g), em porcentagem, e que são:

$$CV_e (\%) = [(\sigma_E^2)^{0,5} / \bar{x}] \times 100$$

$$CV_g (\%) = [(\sigma_P^2)^{0,5} / \bar{x}] \times 100$$

onde:

$\bar{x}$ = média experimental.

Todos os procedimentos foram executados para 25, para 50, para 75 e para 100 progênies.

3.4.3. Precisão das estimativas

A precisão das estimativas dos componentes de variância e do coeficiente de herdabilidade foi calculada conforme a metodologia de VENCovsky & BARRIGA (1992), a partir dos quadrados médios e dos graus de liberdade das fontes de variação.

- Erro associado à estimativa da variância genética entre progênes

$$s_{\sigma_p^2} = [V(\sigma_p^2)]^{0,5}, \text{ onde}$$

$$V(\sigma_p^2) = [2/(jk)^2] \{ [(QM_p)^2/(gl_p+2)] + [(QM_{PL})^2/(gl_{pl}+2)] \}$$

- Erro associado à estimativa da variância das interações entre progênes e locais

$$s_{\sigma_{PL}^2} = [V(\sigma_{PL}^2)]^{0,5}, \text{ onde}$$

$$V(\sigma_{PL}^2) = [2/(j)^2] \{ [(QM_{PL})^2/(gl_{pl}+2)] + [(QM_E)^2/(gl_e+2)] \}$$

- Erro associado à estimativa da variância do erro experimental

$$s_{\sigma_E^2} = [V(\sigma_E^2)]^{0,5}, \text{ onde}$$

$$V(\sigma_E^2) = 2 [(QM_E)^2/(gl_e+2)]$$

- Erro associado à estimativa da variância fenotípica entre médias de progênes

$$s_{\sigma_F^2} = [V(\sigma_F^2)]^{0,5}, \text{ onde}$$

$$V(\sigma_F^2) = [2/(jk)^2] [(QM_p)^2/(gl_p+2)]$$

- Erro associado à estimativa do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênes

$$sh_x^2 = s\sigma_p^2 / \sigma_F^2,$$

onde gl_p , gl_{pl} e gl_e referem-se aos números de graus de liberdade das progênes, das interações entre progênes e locais e dos erros experimentais, respectivamente.

3.4.4. Análises de covariância e cálculo dos coeficientes de correlação genética

Foram estimados coeficientes de correlação genética para as dez associações possíveis entre os cinco caracteres estudados e para os diferentes tamanhos das amostras, isto é, semelhantemente ao que foi feito com os componentes de variância e com o coeficiente de herdabilidade, os coeficientes de correlação genética também foram calculados para os diferentes números de progênes (25, 50, 75 e 100).

As correlações foram estimadas através das covariâncias e das variâncias. Considerando-se dois caracteres, após a realização de cada análise de variância individual, foi realizada a análise correspondente à soma dos dois. Tal procedimento foi empreendido para os diferentes números de progênes (25, 50, 75 e 100). Cada análise de variância referente à soma de dois caracteres seguiu exatamente a mesma estrutura apresentada pelas análises de variância individuais, isto é, pelas análises de variância para cada caráter, separadamente, segundo procedimento descrito por VENCovsky & BARRIGA (1992).

Assim, foram calculados o produto médio entre as progênes e o produto médio das interações entre progênes e locais:

$$PM_{PLxy} = (1/2) (QM_{PLz} - QM_{PLx} - QM_{PLy}) e$$

$$PM_{Pxy} = (1/2) (QM_{Pz} - QM_{Px} - QM_{Py})$$

$G_s = i (\sigma_p^2 / \sigma_F^2)$, onde $i = 1,75$ corresponde ao diferencial de seleção estandardizado, referente a uma intensidade de seleção de 10 %.

O mesmo parâmetro foi, ainda, calculado em termos percentuais, de acordo com o quociente abaixo:

$$G_s (\%) = (G_s / \bar{x}) \times 100, \text{ onde } \bar{x} \text{ é a média experimental.}$$

O ganho esperado com a seleção entre progênies foi também estimado para todos os tamanhos das amostras (25, 50, 75 e 100 progênies).

3.5. Critérios para a escolha do tamanho apropriado

Todos os parâmetros estimados no presente trabalho, com exceção do ganho de seleção, apresentaram erros associados, os quais indicam a precisão das estimativas obtidas. Dessa forma, o tamanho adequado da amostra foi determinado principalmente em função da magnitude do erro associado ao parâmetro de maior importância, que é a variância genética. À medida em que cresce o tamanho da amostra analisada, espera-se que haja uma tendência de estabilidade no valor da variância genética, bem como no valor do seu respectivo erro associado. O tamanho apropriado da amostra será, portanto, aquele no qual a variância genética apresentar estabilidade, como também o menor valor possível para o erro associado.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise geral dos dados

Os resultados estatísticos foram obtidos a partir de quatro experimentos em blocos casualizados, cada um presente em dois locais e com duas repetições por local, instalados nas áreas experimentais denominadas Fazenda Areião e Fazenda Caterpillar, em Piracicaba, SP, no ano agrícola de 1992/93.

Nas tabelas 5 e 6 estão registrados os valores para o coeficiente de variação experimental (CVe) e para o coeficiente de variação genética (CVg), ambos em porcentagem, e os valores correspondentes às médias experimentais, para os diferentes tamanhos das amostras (25, 50, 75 e 100 progênies). A tabela 5 se refere às progênies de meios irmãos, enquanto a tabela 6 se refere às progênies de irmãos germanos.

O caráter peso de espigas apresentou, para o CVe, uma amplitude de 16,86 a 18,96, relativa às progênies de meios irmãos, e uma amplitude de 17,08 a 17,75, relativa às progênies de irmãos germanos. Para o caráter altura da planta, tais amplitudes foram, respectivamente, de 6,49 a 7,09, e de 6,07 a 7,12. Para o caráter altura da espiga, de 7,08 a 7,64, e de 6,62 a 6,99. Para o caráter posição relativa da espiga, de 3,57 a 4,33, e de 4,21 a 4,93. Por fim, para o caráter índice de espigas, foram encontradas amplitudes de 16,35 a 19,99, e de 17,50 a 19,84, também respectivamente. Como é possível observar, os maiores valores para o CVe foram encontrados para os caracteres peso de espigas e índice de espigas, enquanto os menores valores foram encontrados para o caráter posição relativa da espiga. Os caracteres altura da planta e altura da espiga apresentaram valores intermediários.

Para o caráter peso de espigas, as médias encontradas para os dois tipos de progênie não diferem significativamente, uma vez que representam a média geral da população. Em relação às progênies de meios irmãos, a média apresenta uma amplitude de 145,32 a 147,34 g/planta, e, em relação às progênies de irmãos germanos, a média apresenta uma amplitude de 143,94 a 151,34, também em g/planta. Essas amplitudes correspondem aos intervalos de 7,27 a 7,37 e de 7,20 a 7,57, ambos em ton/ha, para as progênies de meios irmãos e para as progênies de irmãos germanos, respectivamente. Os

valores entre as médias do caráter altura da planta mostram-se bastante uniformes, variando de 215,39 a 220,26 cm/planta, nas progênes de meios irmãos, e de 213,75 a 218,50, também em cm/planta, nas progênes de irmãos germanos. Para o caráter altura da espiga, os valores relativos às médias também são bastante semelhantes entre os dois tipos de progênie: nas progênes de meios irmãos, a média alcança valores entre 113,14 e 115,90 cm/planta, e, nas progênes de irmãos germanos, alcança valores entre 112,74 e 114,47, também em cm/planta. Para o caráter posição relativa da espiga, a média oscila de 0,52 a 0,53, tanto nas progênes de meios irmãos como nas progênes de irmãos germanos. E, para o caráter índice de espigas, a média apresenta uma amplitude de 1,05 a 1,07, em relação às progênes de meios irmãos, e uma amplitude de 1,07 a 1,09, em relação às progênes de irmãos germanos. Como é possível verificar, para nenhum dos caracteres estudados, as médias encontradas para as progênes de meios irmãos diferiram significativamente das médias encontradas para as progênes de irmãos germanos. Nota-se, porém, que a amplitude de variação, para o caráter peso de espigas, em relação às progênes de irmãos germanos, é superior à amplitude observada para as progênes de meios irmãos. Embora isto ocorra em virtude de problemas de amostragem, tal fato é um indicio de que amostras menores são mais críticas em casos de avaliação de progênes de irmãos germanos, já que a quantidade de variância genética liberada é superior àquela liberada pelas progênes de meios irmãos, o que acarreta uma maior diferença entre as melhores e as piores progênes. Assim, quando amostras pequenas de progênes de irmãos germanos são retiradas, o risco de que os extremos não sejam reunidos é superior.

Analisando os valores do CVg, observa-se que houve uma amplitude, para o caráter peso de espigas, de 6,44 a 7,74, para as progênes de meios irmãos, e de 9,89 a 13,50, para as progênes de irmãos germanos. Para o caráter altura da planta, as amplitudes foram, respectivamente, de 2,72 a 3,14 e de 2,87 a 4,19, e, para o caráter altura da espiga, foram encontradas amplitudes de 2,96 a 3,46 e de 3,52 a 5,77, também respectivamente. A amplitude observada, para o caráter posição relativa da espiga, foi de 0,85 a 1,12, para as progênes de meios irmãos, enquanto que o valor obtido, na análise de 100 progênes de irmãos germanos, foi de 1,48. Os valores para os demais tamanhos (25, 50 e 75 progênes) não puderam ser obtidos, em razão das estimativas negativas da variância genética. O caráter índice de espigas apresentou, para as progênes de meios irmãos, uma amplitude de 2,83 a 5,78 e, para as progênes de irmãos germanos, uma amplitude de 5,04 a 8,13. Nota-se, portanto, que os valores do CVg relativos às progênes de irmãos germanos são superiores àqueles relativos às progênes de meios irmãos, uma vez que as progênes de irmãos germanos liberam uma maior quantidade de variância genética.

Os quadrados médios relativos às progênes, às interações entre progênes e locais e aos erros experimentais estão nas tabelas 7, 8, 9 e 10. As tabelas 7 e 9 se referem às progênes de meios irmãos, e as tabelas 8 e 10 se referem às progênes de irmãos germanos. As somas de quadrados relativas às análises agrupadas foram obtidas somando-se as somas de quadrados das análises de variância referentes aos diferentes grupos de 25 progênes, sendo o mesmo procedimento realizado para os números dos graus de liberdade.

4.2. Caráter peso de espigas (PE)

Nas tabelas 11 e 12, são apresentadas, para os dois tipos de progênie (meios irmãos e irmãos germanos), as estimativas, relativas ao peso de espigas, da variância genética entre progênes, da variância das interações entre progênes e locais, da variância do erro experimental, da variância fenotípica entre médias de progênes, todas em $(g/planta)^2$, da herdabilidade ao nível de médias de progênes, em %, e do ganho de seleção, obtido entre progênes, tanto em valor absoluto, em g/planta, como em porcentagem da média. Todas as estimativas, com exceção do ganho de seleção, apresentam os seus respectivos erros associados.

As estimativas da variância genética entre progênes, relativas às progênes de meios irmãos, apresentam uma relativa estabilidade entre os diferentes tamanhos das amostras. O maior valor (128,05) foi encontrado para o número de 100 progênes, enquanto o menor (88,74) foi obtido para o número de 25. Essa diferença corresponde a 44,30 %. O valor médio entre as quatro estimativas, referentes aos diferentes números de progênes avaliadas, aproximadamente 109,42, está bem próximo aos valores obtidos por SILVA (1969), para a população Cateto Colômbia, por MIRANDA FILHO *et alii* (1972), para a população Composto Dentado, por CRISÓSTOMO (1978), para o Composto A, e por SAMPAIO (1986), para a mesma população, a ESALQ-PB 4. Os erros associados às estimativas tornam-se progressivamente menores, à medida em que cresce o tamanho da amostra utilizada (Figura 1). Com relação às progênes de irmãos germanos, a variância genética apresenta um súbito decréscimo de 25 (417,23) para 50 progênes (252,18), mantendo-se, a partir daí, mais ou menos estável, variando de 252,18 a 206,11. As progênes de irmãos germanos apresentam valores para a variância genética superiores àqueles apresentados pelas progênes de meios irmãos, em virtude da maior quantidade de variabilidade genética liberada. Os erros associados também se tornam progressivamente menores (Figura 2).

A variância das interações entre progênie e locais apresenta, para ambos os tipos de progênie, valores negativos, com exceção apenas da estimativa obtida para o número de 25 progênie, relativo às progênie de meios irmãos. Há, portanto, um indício de que as progênie não variaram de comportamento entre um ambiente e outro, mantendo-se mais ou menos estáveis, isto é, como as estimativas da variância das interações entre progênie e locais não diferiram de zero, conclui-se que o parâmetro é nulo.

As estimativas da variância do erro experimental apresentaram-se, em relação às estimativas da variância genética entre progênie, relativamente altas, em ambos os tipos de progênie. Nas progênie de meios irmãos, oscilaram entre 759,44 (50 progênie avaliadas) e 607,35 (100 progênie avaliadas). A média entre os quatro valores estimados, aproximadamente 667,60, assemelha-se aos valores encontrados por TORRES-SEGOVIA (1976), a partir do 4º e do 5º ciclos de seleção na população Centralmex, porém é inferior ao encontrado por SAMPAIO (1986), para a mesma população (ESALQ-PB 4). Nas progênie de irmãos germanos, a variância do erro experimental alcançou valores entre 722,02 (25 progênie) e 632,43 (50 progênie). Em ambos os tipos de progênie, os erros associados decresceram com o aumento do número de progênie avaliadas.

A variância fenotípica entre médias de progênie apresenta-se estável nas progênie de meios irmãos, apresentando uma amplitude de 265,23 a 239,05, com um valor médio, entre as quatro estimativas, de aproximadamente 255,48, estando próximo, assim, aos valores obtidos por GERALDI (1977), para a variedade Centralmex, e por RISSI & PATERNIANI (1981), para a subpopulação Piranão B, e um pouco acima daquele obtido por SAMPAIO (1986), analisando a mesma população (ESALQ-PB 4). Nas progênie de irmãos germanos, houve, de 25 para 50 progênie, tal como ocorreu com a variância genética entre progênie, um abrupto decréscimo na estimativa da variância fenotípica entre médias de progênie e, a partir daí, uma relativa estabilidade (388,75 a 348,09). Os erros associados, para os dois tipos de progênie, também decresceram com o aumento do tamanho da amostra.

Os coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de progênie oscilaram entre 34,22 e 49,57 %, nas progênie de meios irmãos, e entre 58,51 e 75,12 %, nas progênie de irmãos germanos. As progênie de irmãos germanos, em comparação com as de meios irmãos, apresentaram estimativas superiores. Os erros associados, para ambos os tipos, progressivamente decresceram do menor ao maior tamanho da amostragem, isto é, de 25 para 100 progênie, fato que ocorreu para todos os parâmetros estimados (Figuras 11 e 12).

O ganho esperado com a seleção foi significativamente superior nas progênes de irmãos germanos, variando de 13,28 a 20,53 %, embora as estimativas estejam superestimadas, uma vez que incluem toda a variância genética entre progênes, ao passo que, na seleção recorrente, a variância dominante não é aproveitada. Nas progênes de meios irmãos, a variação foi de apenas 6,61 a 9,57 %. O diferencial de seleção estandardizado, usado em ambos os casos, foi 1,75, o qual corresponde a uma porcentagem de seleção igual a 10 %. Os ganhos esperados são altos, para apenas um ciclo seletivo, porque a seleção é truncada para apenas um caráter. Na prática, isso não ocorre, porque é feita, também, seleção para outros caracteres, simultaneamente.

4.3. Caráter altura da planta (AP)

Nas tabelas 13 e 14, são apresentadas, para os dois tipos de progênie (meios irmãos e irmãos germanos), as estimativas, relativas à altura da planta, da variância genética entre progênes, da variância das interações entre progênes e locais, da variância do erro experimental, da variância fenotípica entre médias de progênes, todas em (cm/planta)², da herdabilidade ao nível de médias de progênes, em %, e do ganho de seleção, obtido entre progênes, tanto em valor absoluto, em cm/planta, como em porcentagem da média. Todas as estimativas, com exceção do ganho de seleção, apresentam os seus respectivos erros associados.

A variância genética entre progênes apresenta-se estável, em relação às progênes de meios irmãos, situando-se entre 45,71 (50 progênes) e 35,04 (100 progênes). Os valores encontrados estão de acordo com aqueles obtidos, na literatura, por SOUZA JUNIOR *et alii* (1980), na população Suwan, e por TOSELLO *et alii* (1987), na população ESALQ VD Opaco. Os erros associados tornaram-se progressivamente menores (Figura 3). Em relação às progênes de irmãos germanos, a variância genética aumentou subitamente de 41,37 para 82,95, de 75 para 100 progênes (Figura 4). Tal fato ocorreu em razão do alto valor encontrado para o quadrado médio entre progênes. O valor do CVg também sofreu uma súbita elevação, quando comparado aos valores encontrados para os demais tamanhos (25, 50 e 75 progênes). Esse acréscimo pode ter ocorrido em decorrência de problemas de amostragem, reunindo-se as progênes mais contrastantes no último experimento, ou em decorrência de erros na tomada dos dados no campo.

As estimativas para a variância das interações entre progênes e locais apresentaram-se negativas, tanto para as progênes de meios irmãos como para as progênes de irmãos germanos, o que é um indicio de que as progênes se comportaram de

uma maneira uniforme, quando transferidas de um ambiente para outro. Dessa maneira, conclui-se que o parâmetro é estatisticamente nulo.

A variância do erro experimental apresentou-se mais ou menos constante, tendo uma amplitude de 204,49 (25 progênies) a 233,15 (50 progênies), em relação às progênies de meios irmãos. Tais estimativas foram superiores àquela obtida por SAMPAIO (1986), ao analisar a mesma população (ESALQ-PB 4). Para as progênies de irmãos germanos, a amplitude foi maior, indo de 174,51 (100 progênies) a 242,18 (25 progênies). Os erros associados, em ambos os tipos de progênie, também se tornaram gradativamente menores, à medida em que aumentava o tamanho da amostra.

A variância fenotípica entre médias de progênies comportou-se, em relação às progênies de meios irmãos, de forma estável, oscilando entre 63,84 (25 progênies) e 76,33 (50 progênies). O erro decresceu com o aumento do número de progênies. Entretanto, em relação às progênies de irmãos germanos, houve, da mesma forma como aconteceu com a variância genética, um súbito acréscimo, também de 75 para 100 progênies, passando de 76,58 a 118,95, em função da elevação do quadrado médio entre progênies.

A herdabilidade ao nível de médias de progênies apresentou uma amplitude de 48,46 a 62,15 %, nas progênies de meios irmãos (Figura 13). Tais estimativas estão de acordo com as obtidas por BASSOI (1987), que encontrou uma amplitude, para a população HV1, de 45,00 a 60,00 %, para um local, e de 47,00 a 58,00 %, para um outro local, e com as obtidas por AGUILAR MORAN (1984), para os materiais sintéticos MISDPB e MISFPB. As progênies de irmãos germanos apresentaram uma menor amplitude de 25 a 75 progênies (53,79 a 56,43 %), porém a estimativa para o número de 100 progênies foi substancialmente elevada (69,74 %) (Figura 14). O caráter altura da planta apresenta coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas superiores àqueles verificados para o caráter peso de espigas. O caráter altura da planta é, portanto, menos influenciado pelo ambiente do que o caráter peso de espigas. Quando são montados experimentos com progênies, apenas parte da variância genética aditiva é liberada entre as progênies. Consequentemente, os coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de progênies, para o caráter altura da planta, poderão sofrer uma redução, quando comparados com aqueles verificados ao nível de plantas individuais, uma vez que a diminuição no valor da variância fenotípica, considerando-se médias de progênies, em relação ao valor de tal variância, ao nível de plantas individuais, será pequena, ao passo que a redução no valor da variância genética, na seleção baseada entre médias de progênies, em comparação com aquele correspondente a uma seleção ao nível de plantas individuais, será alta. Para o caráter peso de espigas, uma vez que a influência do ambiente é muito grande, a redução no valor da variância fenotípica, considerando-se

médias de progênes, em relação àquele pertinente ao nível de plantas individuais, será bastante significativa. Dessa forma, para tal caráter (peso de espigas), haverá um considerável aumento nos valores dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de progênes, quando comparados com aqueles que são normalmente obtidos ao nível de plantas individuais. O número de repetições e o número de locais também auxiliam na redução da variância fenotípica entre as médias de progênes.

Os valores encontrados para o ganho esperado com seleção são semelhantes entre os dois tipos de progênie (por volta de 3,50 a 4,00 %), com exceção apenas do salto observado para as 100 progênes de irmãos germanos (6,13 %), em virtude da elevação na estimativa da variância genética. O diferencial de seleção estandardizado, utilizado em ambos os casos, também foi 1,75, correspondente a uma porcentagem de seleção igual a 10 %. Os valores para o ganho esperado com seleção foram obtidos considerando-se uma seleção truncada apenas para o caráter em questão.

4.4. Caráter altura da espiga (AE)

Nas tabelas 15 e 16, são apresentadas, para os dois tipos de progênie (meios irmãos e irmãos germanos), as estimativas, relativas à altura da espiga, da variância genética entre progênes, da variância das interações entre progênes e locais, da variância do erro experimental, da variância fenotípica entre médias de progênes, todas em $(\text{cm/planta})^2$, da herdabilidade ao nível de médias de progênes, em %, e do ganho de seleção, obtido entre progênes, tanto em valor absoluto, em cm/planta , como em porcentagem da média. Todas as estimativas, com exceção do ganho de seleção, apresentam os seus respectivos erros associados.

A variância genética entre progênes apresenta uma relativa estabilidade, com relação às progênes de meios irmãos, fluando entre os valores 11,24, obtido para a amostra de 75 progênes, e 15,38, obtido para a amostra de 100 progênes. Os valores obtidos estão próximos daqueles encontrados por SOUZA JÚNIOR & MIRANDA FILHO (1989), nas populações ESALQ-PB1 e BR-105. Os erros associados tornaram-se progressivamente menores, à medida em que aumentava o tamanho da amostra, com exceção da estimativa obtida para 100 progênes (5,08), levemente superior àquela encontrada para 75 progênes (4,90) (Figura 5). A variância genética entre progênes, em relação às progênes de irmãos germanos, tal como ocorreu com o caráter altura da planta, apresentou-se relativamente estável até a amostra de 75 progênes, havendo uma súbita elevação na estimativa obtida para a amostra de 100 progênes, quando saltou de 15,73

para 43,40 (Figura 6). A causa de tal elevação foi o alto valor do quadrado médio entre progênies. Da mesma forma, o CVg também apresentou um acréscimo, na amostra de 100 progênies. As possíveis explicações são, também, um eventual problema de amostragem, permitindo que as progênies mais contrastantes fossem reunidas no último experimento, e uma falha na tomada dos dados no campo.

A variância das interações entre progênies e locais revelou-se negativa para todas as amostras relativas às progênies de meios irmãos, porém positiva para todas as amostras relativas às progênies de irmãos germanos. Entretanto, essas estimativas positivas foram de baixa magnitude e inferiores aos respectivos erros associados, sendo, assim, estatisticamente nulas. Dessa forma, é possível considerar que os dois tipos de progênie se mantiveram estáveis entre os dois ambientes, isto é, o parâmetro, na verdade, é nulo.

A variância do erro experimental comportou-se de maneira semelhante entre os dois tipos de progênie. Nas progênies de meios irmãos, oscilou entre 64,18, estimativa obtida para 75 progênies, e 77,83, estimativa obtida para 25 progênies. Essa amplitude engloba o valor obtido por CRISÓSTOMO & ZINSLY (1977), para a população ESALQ-A. Nas progênies de irmãos germanos, a amplitude foi de 55,73, valor encontrado para 75 progênies, a 63,64, valor encontrado para 100 progênies. Em ambos os tipos de progênie, o erro associado decresceu com o aumento do tamanho da amostragem.

Nas progênies de meios irmãos, a variância fenotípica entre médias de progênies apresentou uma amplitude de 25,95 (75 progênies) a 31,63 (100 progênies). Essa amplitude engloba o valor obtido por AGUILAR MORAN (1984), para a população MISFPB. O erro associado apresentou uma tendência de decréscimo com o aumento do tamanho da amostragem, apesar da leve superioridade do erro obtido para 100 progênies (4,52), em relação ao erro obtido para 75 progênies (4,27). Nas progênies de irmãos germanos, havia uma certa estabilidade, tal como havia ocorrido com a variância genética, até a amostra de 75 progênies, porém, no tamanho correspondente a 100, o parâmetro saltou de 31,63 para 60,67. A razão também reside no alto valor encontrado para o quadrado médio entre progênies.

A herdabilidade ao nível de médias de progênies, para as progênies de meios irmãos, manteve-se relativamente estável, apresentando uma baixa amplitude (de 43,32 a 50,57 %) (Figura 15). Tais estimativas concordam com aquela obtida por AGUILAR MORAN (1984), para a população MISFPB. Em relação às progênies de irmãos germanos, há também uma relativa estabilidade até o número de 75 progênies (49,74 a 53,93 %), porém ocorre um acréscimo na estimativa para 100 progênies (71,53 %) (Figura 16). O caráter altura da espiga apresenta o mesmo fenômeno descrito para o caráter altura

da planta, isto é, os coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de progênes poderão sofrer uma redução, quando comparados com aqueles obtidos ao nível de plantas individuais.

O ganho esperado com seleção, para as progênes de meios irmãos, não apresentou alta variação, atingindo um valor mínimo de 3,42 % e um máximo de 4,23 %. Em relação às progênes de irmãos germanos, mantinha-se relativamente estável (4,35 a 5,04 %) até 75 progênes, quando, em função da elevação na estimativa da variância genética obtida para 100 progênes, houve um súbito aumento em seu valor (8,57 %). O diferencial de seleção estandardizado utilizado foi também 1,75, correspondente a uma porcentagem de seleção igual a 10 %, supondo-se, ainda, uma seleção truncada apenas para o caráter em questão.

4.5. Caráter posição relativa da espiga (AE/AP)

Nas tabelas 17 e 18, são apresentadas, para os dois tipos de progênie (meios irmãos e irmãos germanos), as estimativas, relativas à posição relativa da espiga, da variância genética entre progênes, da variância das interações entre progênes e locais, da variância do erro experimental, da variância fenotípica entre médias de progênes, da herdabilidade ao nível de médias de progênes, em %, e do ganho de seleção, obtido entre progênes, tanto em valor absoluto como em porcentagem da média. Todas as estimativas, com exceção do ganho de seleção, apresentam os seus respectivos erros associados.

A variância genética entre progênes, relativa às progênes de meios irmãos, embora tenha se mantido estável, apresenta valores mais baixos do que aquele relatado por SOUZA JÚNIOR *et alii* (1980), para a população Suwan. Em relação às progênes de irmãos germanos, a variância genética exibe valores negativos até a amostra de 75 progênes, muito embora os respectivos erros associados lhes permitam alcançar a nulidade, já que tais estimativas negativas foram de baixa magnitude. A estimativa obtida para 100 progênes foi positiva, mas, tal qual ocorreu com as progênes de meios irmãos, de pequena significância (Figuras 7 e 8). Pode-se, dessa forma, considerar que ambos os tipos de progênie não apresentaram diferenças genéticas significativas, comportando-se de maneira homogênea, para todos os tamanhos das amostras testados (25, 50, 75 e 100 progênes).

Os valores da variância das interações entre progênes e locais, relativos às progênes de meios irmãos, apresentaram-se muito baixos, inferiores, inclusive, aos próprios erros associados, para os diferentes números de progênes. Os valores

encontrados para as progênies de irmãos germanos foram significativamente superiores àqueles obtidos para as progênies de meios irmãos, mas ainda assim de pequena magnitude, o que atesta que os dois tipos de progênie foram pouco afetados pelo ambiente. Uma vez que o caráter praticamente não apresenta variância genética, os valores para a variância das interações entre progênies e locais também não poderiam ser relevantes.

A variância do erro experimental apresentou uma certa estabilidade, tanto para as progênies de meios irmãos como para as progênies de irmãos germanos, revelando-se um pouco superior para o segundo tipo. As estimativas obtidas em relação às progênies de meios irmãos (por volta de $40,00 \times 10^{-5}$) foram levemente superiores àquela obtida por SOUZA JÚNIOR *et alii* (1980), na população Suwan (cerca de $20,00 \times 10^{-5}$). Em ambos os tipos de progênie, os erros associados apresentaram uma tendência de queda com o aumento do tamanho da amostragem.

A variância fenotípica entre médias de progênies apresentou uma amplitude, relativa às progênies de meios irmãos, de $12,50 \times 10^{-5}$ a $15,75 \times 10^{-5}$, e uma amplitude, relativa às progênies de irmãos germanos, de $16,00 \times 10^{-5}$ a $29,25 \times 10^{-5}$. Os erros associados, para os dois tipos de progênie, revelaram a tendência de queda com o aumento da amostragem.

A herdabilidade ao nível de médias de progênies oscilou entre os valores 16,00 e 28,07 %, em relação às progênies de meios irmãos (Figura 17). Essa amplitude é próxima daquela obtida por BASSOI (1987), para a população HV1, em um local (21,00 a 36,00 %), mas diferente daquela obtida pelo mesmo autor, para a mesma população, em um outro local (15,00 a 48,00 %). As progênies de irmãos germanos forneceram a estimativa da herdabilidade ao nível de médias somente para a amostra de 100 progênies (21,37 %), uma vez que os tamanhos anteriores apresentaram estimativas negativas para a variância genética entre progênies (Figura 18).

O ganho esperado com seleção variou de 0,60 a 1,11 %, em relação às progênies de meios irmãos. O valor encontrado para as progênies de irmãos germanos foi 1,23 %, para o tamanho de 100. As amostras anteriores (25, 50 e 75 progênies) não forneceram estimativas, em função dos valores negativos obtidos para a variância genética. O diferencial de seleção estandardizado utilizado foi 1,75, o qual corresponde a uma intensidade de seleção igual a 10 %.

4.6. Caráter índice de espigas (IE)

Nas tabelas 19 e 20, são apresentadas, para os dois tipos de progênie (meios irmãos e irmãos germanos), as estimativas, relativas ao índice de espigas, da variância genética entre progênies, da variância das interações entre progênies e locais, da variância do erro experimental, da variância fenotípica entre médias de progênies, da herdabilidade ao nível de médias de progênies, em %, e do ganho de seleção, obtido entre progênies, tanto em valor absoluto como em porcentagem da média. Todas as estimativas, com exceção do ganho de seleção, apresentam os seus respectivos erros associados.

Para as progênies de meios irmãos, a variância genética apresentou uma tendência de queda, quando decresceu de $3,65 \times 10^{-3}$ a $0,92 \times 10^{-3}$, de 25 até 75 progênies. A estimativa encontrada para a amostra de 100 progênies sofreu, porém, um leve acréscimo ($1,67 \times 10^{-3}$) (Figura 9). A estimativa obtida para 25 progênies está bem próxima daquela encontrada por SOUZA JÚNIOR *et alii* (1980), para a população Suwan ($3,16 \times 10^{-3}$). Os erros associados às estimativas decaíram, à medida em que aumentava o número de progênies avaliadas. Para as progênies de irmãos germanos, a amplitude encontrada foi um pouco superior ($7,87 \times 10^{-3}$ a $2,99 \times 10^{-3}$) (Figura 10). Tal qual ocorreu com as progênies de meios irmãos, os erros associados às estimativas decresceram gradativamente com o aumento do tamanho da amostra analisada.

As estimativas para a variância das interações entre progênies e locais foram, para ambos os tipos de progênie, com exceção do tamanho da amostra equivalente a 75 progênies, para irmãos germanos, todas negativas. No entanto, o valor positivo encontrado foi de baixa magnitude, o que permite concluir que tanto as progênies de meios irmãos como as progênies de irmãos germanos apresentaram estabilidade, quando testadas em ambientes diversos. Tal como o caráter posição relativa da espiga, o caráter índice de espigas praticamente não apresenta variância genética, motivo pelo qual as estimativas para a variância das interações entre progênies e locais são irrelevantes.

A variância do erro experimental apresentou uma amplitude, em relação às progênies de meios irmãos, de $29,20 \times 10^{-3}$ a $45,27 \times 10^{-3}$, intervalo um pouco superior ao verificado para as progênies de irmãos germanos ($35,08 \times 10^{-3}$ a $46,83 \times 10^{-3}$). Para os dois tipos de progênie, o erro associado apresentou uma tendência geral de queda.

A amplitude para a variância fenotípica entre médias de progênies, em relação às progênies de meios irmãos, $8,71 \times 10^{-3}$ a $10,73 \times 10^{-3}$, engloba a estimativa apresentada por SOUZA JÚNIOR *et alii* (1980), na população Suwan ($8,79 \times 10^{-3}$). As estimativas encontradas para as progênies de irmãos germanos foram um pouco superiores ($11,12 \times 10^{-3}$ a $16,47 \times 10^{-3}$). Os erros associados decresceram para os dois tipos de progênie, à medida em que aumentava o tamanho da amostra.

A herdabilidade ao nível de médias de progênes alcançou, para as progênes de meios irmãos, o valor mínimo de 9,61 % (75 progênes) e o valor máximo de 41,87 % (25 progênes) (Figura 19). BASSOI (1987), através da população Piranão HV1, encontrou amplitudes diferentes: 22,00 a 60,00 %, para um local, e 35,00 a 61,00 %, para um outro local. Para as progênes de irmãos germanos, o intervalo foi de 22,93 (50 progênes) a 47,77 % (25 progênes) (Figura 20). Para ambos os tipos de progênie, os erros também diminuíram com o crescimento do tamanho da amostra.

O ganho esperado com seleção foi superior nas progênes de irmãos germanos, apresentando uma porcentagem mínima de 4,23, e uma máxima de 9,85, enquanto que a mínima, para as progênes de meios irmãos, foi de 1,54, e a máxima de 6,56. O valor do diferencial de seleção estandardizado foi o mesmo utilizado para os outros caracteres, ou seja, 1,75, o qual corresponde a uma intensidade de seleção igual a 10 %.

4.7. Correlações genéticas

As tabelas 23 e 24 apontam os valores dos coeficientes de correlação genética entre os caracteres estudados, relativos às progênes de meios irmãos e às progênes de irmãos germanos, respectivamente, enquanto as tabelas 21 e 22 exibem os valores dos produtos médios entre progênes e dos produtos médios das interações entre progênes e locais, relativos às progênes de meios irmãos e às progênes de irmãos germanos, também respectivamente.

A correlação PE x AP apresentou-se relativamente estável entre os diferentes tamanhos das amostras de progênes de meios irmãos, variando de 0,55 a 0,66, estando próximas das estimativas obtidas por BIANCO *et alii* (1987) e por LORDELO & MIRANDA FILHO (1981), para a população Piranão VD-2, e por AGUILAR MORAN (1984), para o material sintético MISFPB. Em relação às progênes de irmãos germanos, a correlação apresentou uma menor estabilidade, bem como valores mais baixos (0,27 a 0,46). Essa amplitude engloba os valores obtidos por CRISÓSTOMO & ZINSLY (1977), para a população ESALQ-B, por RISSI & PATERNIANI (1981), para as subpopulações Piranão A e Piranão B, e por BIANCO *et alii* (1987), para a população Piranão VF-1. O valor encontrado por LORDELO & MIRANDA FILHO (1981), para essa mesma população, a Piranão VF-1, foi bem inferior.

A correlação PE x AE apresentou, em relação às progênes de meios irmãos, uma oscilação um pouco maior do que a oscilação apresentada pela correlação PE x AP.

PE x AE variou de 0,48 a 0,63, intervalo que compreende as estimativas obtidas por AGUILAR MORAN (1984), para o material sintético MISFPB, e por LORDELO & MIRANDA FILHO (1981), na população Piranão VD-2. A amplitude verificada nas progênes de irmãos germanos foi da mesma magnitude (0,24 a 0,40), porém os valores encontrados foram significativamente mais baixos. Valores próximos aos observados nas progênes de irmãos germanos foram obtidos por TOSELLO *et alii* (1987), para a população ESALQ VD Opaco, por RISSI & PATERNIANI (1981), para a subpopulação Piranão B, por BIANCO *et alii* (1987), para as populações Piranão-VD 2 e Piranão-VF 1, e por LORDELO & MIRANDA FILHO (1981), também na população Piranão-VF 1.

As estimativas encontradas para a correlação PE x AE/AP foram de baixa magnitude, nas progênes de meios irmãos, indicando que a seleção para um caráter praticamente não alterará o outro. Nas progênes de irmãos germanos, as estimativas para 25, para 50 e para 75 progênes não puderam ser obtidas, em razão dos valores negativos da variância genética entre progênes do caráter AE/AP. A estimativa obtida para 100 progênes foi muito baixa, mesmo quando comparada com as obtidas nas progênes de meios irmãos. SOUZA JÚNIOR *et alii* (1980), na população Suwan, e LORDELO & MIRANDA FILHO (1981), na população Piranão-VF 1, encontraram também estimativas de baixa magnitude.

A correlação PE x IE demonstrou estabilidade em ambos os tipos de progênie, apresentando, no entanto, valores mais altos nas progênes de meios irmãos. SOUZA JÚNIOR *et alii* (1980), na população Suwan, encontraram também uma alta estimativa para a correlação PE x IE.

A correlação AP x AE comportou-se de maneira estável nos diferentes tamanhos das amostras, em ambos os tipos de progênie. Os valores verificados foram igualmente altos, corroborando com aqueles detectados por ANDRADE & MIRANDA FILHO (1980), na população ESALQ-PB 1, por SAMPAIO (1986), também na ESALQ-PB 4, por AGUILAR MORAN (1984), nos materiais sintéticos MISFPB e MISDPB, e por LORDELO & MIRANDA FILHO (1981), nas populações Piranão-VD 2 e Piranão-VF1.

A correlação AP x AE/AP, para as progênes de meios irmãos, apresentou uma tendência de elevação, à medida em que aumentava o número de progênes avaliadas, atingindo, para a amostra de 100 progênes, o valor de 0,51. Estimativa próxima a 0,51 foi encontrada por LORDELO & MIRANDA FILHO (1981), na população Piranão-VF 1. Para as progênes de irmãos germanos, não foram obtidas estimativas para os números de 25, de 50 e de 75 progênes, em razão dos valores negativos verificados para a variância genética do caráter AE/AP. A estimativa observada para 100 progênes foi, contudo, extremamente alta.

A correlação AP x IE comportou-se diferentemente entre os dois tipos de progênie. Nas progênies de meios irmãos, apresentou uma alta oscilação entre os diversos tamanhos das amostras, variando de 0,24 a 0,50. Nas progênies de irmãos germanos, o valor da correlação foi paulatinamente decaindo, a medida em que crescia o tamanho da amostra avaliada, diminuindo de 0,68 (25 progênies) a 0,15 (100 progênies).

Tal qual a correlação AP x AE/AP, a correlação AE x AE/AP também apresentou uma progressiva elevação, nas progênies de meios irmãos, à medida em que crescia o tamanho da amostra. O valor máximo obtido (para 100 progênies) aproxima-se daquele observado por SOUZA JÚNIOR *et alii* (1980), para a população Suwan. Para as progênies de irmãos germanos, os valores relativos aos números de 25, de 50 e de 75 progênies também não puderam ser estimados, pela mesma razão já explicitada anteriormente (valores negativos da variância genética para o caráter AE/AP). O valor encontrado para 100 progênies foi bem próximo ao valor verificado para a correlação AP x AE/AP, nas mesmas 100 progênies de irmãos germanos. Observa-se pois, que, embora as correlações AP x AE/AP e AE x AE/AP tenham se comportado semelhantemente, nas progênies de meios irmãos as estimativas observadas para a segunda correlação foram superiores àquelas observadas para a primeira, indicando que o caráter AE/AP deve ser mais influenciado pelo caráter AE do que pelo caráter AP.

A correlação AE x IE, assim como a correlação AP x IE, apresentou padrões de comportamento diferentes, entre os dois tipos de progênie. Nas progênies de meios irmãos, houve uma gradativa queda, à medida em que aumentava o tamanho da amostra analisada. Nas progênies de irmãos germanos, foi verificada uma amplitude da mesma magnitude que a verificada nas progênies de meios irmãos, porém os valores encontrados não demonstraram tendência de ascensão ou de queda com o aumento do tamanho da amostra analisada. Ao contrário, houve uma oscilação entre os diferentes números de progênies. Para os números de 50, de 75 e de 100 progênies, os dois caracteres se correlacionaram negativamente.

A última correlação, a IE x AE/AP, apresentou uma elevada oscilação entre os diferentes tamanhos das amostras, nas progênies de meios irmãos, não sendo observada, portanto, nenhuma tendência de comportamento. Nas progênies de irmãos germanos, as três primeiras estimativas (para 25, para 50 e para 75 progênies) não foram obtidas, em razão dos valores negativos encontrados para a variância genética no caráter AE/AP. A estimativa para 100 progênies, tal qual aquelas verificadas para 75 e para 100 progênies de meios irmãos, revelou-se negativa.

4.8. Análise final dos dados

Para os cinco caracteres estudados, portanto, os parâmetros variância genética entre progênies, variância das interações entre progênies e locais, variância do erro experimental, variância fenotípica entre médias de progênies e herdabilidade ao nível de médias de progênies, tanto para as progênies de meios irmãos como para as progênies de irmãos germanos, apresentavam erros associados. Esses erros associados indicam a precisão das estimativas de tais componentes de variância e do coeficiente de herdabilidade.

A expressão de cada erro associado é função do número de progênies, do número de repetições e do número de locais de cada experimento. Como o número de repetições e o número de locais não variam, pois são fixos, percebe-se que a variação da estimativa do erro é função apenas do número de progênies, o qual determinará o número de graus de liberdade das progênies, bem como os números de graus de liberdade das demais fontes de variação (interações progênies x locais e erro experimental). Espera-se, então, que quanto maior for o número de progênies avaliadas, menor será a estimativa do erro associado e, conseqüentemente, mais precisa será a estimativa obtida do parâmetro desejado.

Os erros associados às estimativas revelam, assim, as amplitudes nas quais os parâmetros mencionados poderão estar, isto é, se for retirada uma outra amostra com o mesmo número de progênies da amostra anteriormente avaliada, um dado parâmetro poderá estar em qualquer ponto dentro do intervalo delimitado pelo respectivo erro. O tamanho ideal de uma amostra será aquele que apresentar, dessa forma, um valor mínimo aceitável para o erro associado, desde, também, que o mesmo tenha já atingido a estabilidade.

5. CONCLUSÕES

Nas condições do presente trabalho, as conclusões são as seguintes:

- a) Observando-se, no caráter peso de espigas, as progênies de meios irmãos e as progênies de irmãos germanos, constata-se, através da análise do comportamento da variância genética entre progênies, que os tamanhos de 75 e de 100 praticamente não apresentam diferenças nas amplitudes das estimativas, as quais exibem, também, quase que o mesmo valor. Assim, para ambos os tipos de progênie, os tamanhos de 75 e de 100 parecem ser já satisfatórios para estimar parâmetros genéticos.
- b) Verificando-se o comportamento da variância genética entre progênies, no caráter altura da planta, observa-se, nas progênies de meios irmãos, que a redução na amplitude da estimativa entre os dois maiores tamanhos (75 e 100) é praticamente insignificante. Além disso, as estimativas apresentam quase o mesmo valor. Dessa forma, pode-se concluir que, para as progênies de meios irmãos, os tamanhos de 75 e de 100 progênies são adequados para estimar parâmetros genéticos. O presente estudo, entretanto, não pode ser conclusivo com relação às progênies de irmãos germanos, em virtude do súbito acréscimo verificado na estimativa da variância genética entre progênies referente à maior amostra (100 progênies).
- c) Analisando-se a variância genética, no caráter altura da espiga, constata-se, para as progênies de meios irmãos, que, além de as estimativas para 75 e para 100 progênies serem muito próximas, praticamente não há diferença entre as suas respectivas amplitudes. Conclui-se, portanto, que os tamanhos de 75 e de 100, para as progênies de meios irmãos, são satisfatórios para estimar parâmetros genéticos. Para as progênies de irmãos germanos, o caráter exibe o mesmo fenômeno observado no mesmo tipo de progênie, com relação ao mesmo parâmetro, para o caráter altura da planta, ou seja, também foi verificado um brusco acréscimo, na amostra de 100 progênies (a maior amostra), na estimativa da variância genética. Dessa forma, para as progênies de irmãos germanos, o presente estudo não pode ser conclusivo.

d) O caráter posição relativa da espiga praticamente não apresentou variância genética entre as progênes de meios irmãos, uma vez que todos os valores aproximaram-se bastante de zero. Em relação às progênes de irmãos germanos, somente a amostra de 100 apresentou variância genética, sendo, porém, também bem próxima de zero. As demais apresentaram valores negativos, muito embora seus respectivos erros lhes permitam alcançar a nulidade. Assim, para o caráter posição relativa da espiga, o presente estudo não pode ser considerado conclusivo.

e) De maneira análoga ao caráter posição relativa da espiga, o caráter índice de espigas também não apresentou variância genética, tanto em relação às progênes de meios irmãos como em relação às progênes de irmãos germanos. O presente trabalho não habilita, assim, os tamanhos testados como tamanhos recomendáveis para estimar parâmetros genéticos, não sendo, portanto, um estudo conclusivo.

f) As correlações envolvendo aqueles caracteres que apresentaram variância genética (PE x AP, PE x AE e AP x AE) mantiveram-se consistentes e relativamente estáveis entre as diversas amostras, em ambos os tipos de progênie. Entretanto, as correlações que envolviam os caracteres que não apresentaram variância genética (AE/AP e IE) revelaram-se insólitas e inconsistentes.

g) Para todos os caracteres avaliados, amostras muito pequenas não apresentam estimativas inteiramente confiáveis, tanto para as progênes de meios irmãos como para as progênes de irmãos germanos, em virtude dos altos erros associados.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGUILAR MÓRAN, J. F. Avaliação do potencial genético de linhagens e respectivos testadores obtidos de duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1984. 118p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- ALLARD, R. W. Herança quantitativa. In: **Princípios do melhoramento genético das plantas**. Rio de Janeiro, USAID; Edgard Blucher, 1971. cap. 8, p. 60-71.
- ALLARD, R. W. Participação do genótipo e do ambiente na variação contínua. In: **Princípios do melhoramento genético das plantas**. Rio de Janeiro, USAID; Edgard Blucher, 1971. cap. 9, p. 72-9.
- ANDRADE, J. A. C. & MIRANDA FILHO, J. B. Correlações genéticas e fenotípicas envolvendo caracteres da planta e do pendão do milho. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (14): 5-10, 1980.
- BANZATTO, D. A. & KRONKA, S. N. Análise de grupos de experimentos. In: **Experimentação agrícola**. Jaboticabal, FUNEP, 1989. cap. 8, p. 213-36.
- BANZATTO, D. A. & KRONKA, S. N. Delineamento em blocos casualizados. In: **Experimentação agrícola**. Jaboticabal, FUNEP, 1989. cap. 4, p. 91-123.

- BASSOI, M. C. Avaliação de progênies de meios irmãos de milho (*Zea mays* L.) em função do tipo de endosperma. Piracicaba, 1987. 127p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- BIANCO, S. Avaliação do potencial genético de populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico para teor de óleo na semente. Piracicaba, 1984. 98p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- BIANCO, S.; TOSELLO, G. A. ; SOUZA JÚNIOR, C. L. Correlações genéticas e fenotípicas em duas populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico e suas implicações no melhoramento do teor de óleo do grão. *Anais da ESALQ*, Piracicaba, 44 (1): 801-10, 1987.
- CAMPOS, H. Análise conjunta de experimentos. In: **Estatística aplicada à experimentação com cana-de-açúcar**. Piracicaba, FEALQ, 1984. cap. 9, p. 197-230.
- CAMPOS, H. Experimentos em blocos casualizados. In: **Estatística aplicada à experimentação com cana-de-açúcar**. Piracicaba, FEALQ, 1984. cap. 4, p. 65-83.
- CANTON, T. Avaliação de oito ciclos de seleção recorrente na população de milho (*Zea mays* L.) Suwan DMR. Piracicaba, 1988. 112p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- CARMO, C. M. Avaliação de progênies de meios irmãos em populações heterogêneas de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1969. 48p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- CARVALHO, B. C. L. & PEIXOTO, S. E. **Programa de pesquisa para a cultura do milho no estado da Bahia**. Salvador, EPABA, 1991. 34p.

- CHAVES, L. J. & MIRANDA FILHO, J. B. Plot size for progeny selection in maize (*Zea mays* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, New York, **84** (7/8): 963-70, 1992.
- COCHRAN, W. G. & COX, G. M. Analysis of the results of a series of experiments. In: **Experimental designs**. 2. ed. New York, John Wiley & Sons, 1957. cap. 14, p. 545-68.
- COCHRAN, W. G. & COX, G. M. Completely randomized, randomized block and latin square designs. In: **Experimental designs**. 2. ed. New York, John Wiley & Sons, 1957. cap. 4, p. 95-147.
- COCKERHAM, C. C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W. D. & ROBINSON, H. F. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington, NASNRC, 1963. (Publicação 982).
- COCKERHAM, C. C. Covariances of relatives from self-fertilization. **Crop Science**, Madison, **23**: 1177-80, 1983.
- COCKERHAM, C. C. & WEIR, B. S. Covariances of relatives stemming from a population undergoing mixed self and random mating. **Biometrics**, Washington, **40**: 157-64, 1984.
- COMSTOCK, R. E. & MOLL, R. H. Genotype-environment interactions. In: HANSON, W. D. & ROBINSON, H. F. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington, NASNRC, 1963. (Publicação 982).
- CRISÓSTOMO, J. R. Estimação de parâmetros genéticos visando seleção em dois compostos de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1978. 71p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- CRISÓSTOMO, J. R. & ZINSLY, J. R. Estimação de parâmetros genéticos em duas populações de milho (*Zea mays* L.). **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (11): 33-7, 1977.

CUNHA, M. A. P. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) ESALQ-HV-1. Piracicaba, 1976. 84p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York, Macmillan Publishing Company, 1987. v.1.

FISHER, R. A. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. *T.R.S., Edinburgh*, 52: 399-433, 1918.

GALLAIS, A. Génotype et phénotype. In: **Théorie de la sélection en amélioration des plantes**. Paris, Masson, 1990. p. 47-106.

GERALDI, I. O. Estimação de parâmetros genéticos de caracteres do pendão em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento. Piracicaba, 1977. 103p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).

GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B.; VENCovsky, R. Estimates of genetic parameters for tassel characters in maize (*Zea mays* L.) and breeding perspectives. *Maydica, Bergamo*, 30 (1): 1-14, 1985.

GHINI, R. & MIRANDA FILHO, J. B. Herdabilidade da altura da planta e da espiga no segundo ciclo de seleção da população ESALQ-PB 1 de milho. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (13): 130-7, 1979.

GOMES, F. P. Análise de grupos de experimentos. In: **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba, Nobel, 1990. cap. 8, p. 126-50.

GOMES, F. P. Experimentos em blocos casualizados. In: **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba, Nobel, 1990. cap. 5, p. 56-76.

- HALLAUER, A. R. & MIRANDA FILHO, J. B. Means and variances. In: **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames, Iowa State University Press, 1981. cap. 2, p. 21-35.
- HALLAUER, A. R. & MIRANDA FILHO, J. B. Selection: theory. In: **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames, Iowa State University Press, 1981. cap. 6, p. 159-204.
- HELMS, T. C.; HALLAUER, A. R.; SMITH, O. S. Genetic variability estimates in improved and nonimproved Iowa Stiff Stalk Synthetic maize populations. **Crop Science**, Madison, **29** (4): 959-62, 1989.
- INSTITUTO CAMPINEIRO DE ENSINO AGRÍCOLA. Cultura do Milho. Campinas, ICEA, 1987. 38p.
- KEMPTHORNE, O. Experiments on infinite populations and groups of experiments. In: **The design and analysis of experiments**. Huntington, Krieger, 1973. cap. 28, p. 569-93.
- KEMPTHORNE, O. Randomized blocks. In: **The design and analysis of experiments**. Huntington, Krieger, 1973. cap. 9, p. 163-83.
- LIMA, M. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos na população de milho (*Zea mays* L.) ESALQ-VD-2. Piracicaba, 1977. 71p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- LIMA, M. & PATERNIANI, E. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies de meios irmãos do milho (*Zea mays* L.) ESALQ-VD-2 MI-HSII e suas implicações no melhoramento. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (11): 84-9, 1977.

- LIMA, M. & PATERNIANI, E. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos na população de milho (*Zea mays* L.) ESALQ-VD-2. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (11): 82-3, 1977.
- LIMA, M.; PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Avaliação de progênies de meios irmãos no segundo ciclo de seleção em dois compostos de milho. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (8): 78-85, 1974.
- LINARES, E. Seleção recorrente recíproca em famílias de meios irmãos em milho pipoca (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1987. 78p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- LORDELO, J. A. C. Parâmetros genéticos das populações de milho Piranão-VD-2 e Piranão-VF-1. Piracicaba, 1982. 63p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- LORDELO, J. A. C. & MIRANDA FILHO, J. B. Correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres em duas populações de milho braquítico. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (15): 104-8, 1981a.
- LORDELO, J. A. C. & MIRANDA FILHO, J. B. Parâmetros genéticos nas populações de milho Piranão-VD-2 e Piranão-VF-1. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (15): 109-14, 1981b.
- MAMEDE, F. B. F. Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em duas populações de milho (*Zea mays* L.) opaco. Piracicaba, 1991. 183p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).

- MARIOTE, D. Avaliação do potencial genético de duas populações de milho (*Zea mays* L.) e suas implicações no melhoramento do teor de óleo. Piracicaba, 1993. 101p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- MARQUEZ-SANCHEZ, F. & HALLAUER, A. R. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I. Grain yield. *Crop Science*, Madison, 10 (4): 357-61, 1970.
- MILHO. São Paulo, Nobel, 1988. 63p. (Campo & Cidade, 2).
- MIRANDA FILHO, J. B. Avaliação de famílias de meios irmãos na população ESALQ-PB 1. *Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ*, Piracicaba, (11): 90-4, 1977.
- MIRANDA FILHO, J. B. Herdabilidade da altura da planta e da espiga na população ESALQ-PB 1. *Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ*, Piracicaba, (12): 116-21, 1978.
- MIRANDA FILHO, J. B. Avaliação de famílias de meios irmãos do segundo ciclo de seleção da população ESALQ-PB 1 de milho. *Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ*, Piracicaba, (13): 149-58, 1979.
- MIRANDA FILHO, J. B. Princípios de experimentação e análise estatística. In: PATERNIANI, E. & VIÉGAS, G. P. *Melhoramento e produção de milho*. 2. ed. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v. 2, cap. 17, p. 765-95.
- MIRANDA FILHO, J. B. & VENCovsky, R. Estimativas da variância genética aditiva em diversas populações locais de milho. *Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ*, Piracicaba, (6): 61-6, 1972.

- MIRANDA FILHO, J. B.; VENCovsky, R.; PATERNIANI, E. Variância genética aditiva da produção de grãos em dois compostos de milho e sua implicação no melhoramento. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (6): 67-73, 1972.
- MIRANDA FILHO, J. B.; VENCovsky, R.; PATERNIANI, E. Variância genética aditiva da altura da planta e da espiga em dois compostos de milho e sua implicação no melhoramento. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (8): 104-8, 1974.
- MIRANDA, L. T.; MIRANDA, L. C. E.; POMMER, C. V. ; SAWAZAKI, E. Oito ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho IAC-1. **Bragantia**, Campinas, **36**: 187-96, 1977a.
- MIRANDA, L. T.; MIRANDA, L. C. E.; POMMER, C. V.; SAWAZAKI, E. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho IAC-1 Opaco-2. **Bragantia**, Campinas, **36**: 197-205, 1977b.
- MÔRO, J. R. Efeito da alta intensidade de seleção no melhoramento do milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1982. 59p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- NASPOLINI FILHO, V. Variabilidade fenotípica e estabilidade em híbridos simples, híbridos duplos, variedades e compostos de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1975. 68p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- NOGUEIRA, M. C. S. Delineamento em blocos completos casualizados. In: **Curso de estatística experimental aplicada à experimentação agronômica**. Piracicaba, ESALQ / Departamento de Matemática e Estatística, 1991. cap. 8, p. 69-77.

- NOGUEIRA, M. C. S. Grupo de experimentos. In: **Curso de estatística experimental aplicada à experimentação agrônômica.** Piracicaba, ESALQ / Departamento de Matemática e Estatística, 1991. cap. 14, p. 149-58.
- PATERNIANI, E. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no melhoramento do milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1968. 92p. (Cátedra - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a brazilian population of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, Madison, 7 (3): 212-6, 1967.
- QUEIROZ, M. A. Correlações genéticas e fenotípicas em progênes de meios irmãos de milho (*Zea mays* L.) e suas implicações com o melhoramento. Piracicaba, 1969. 71p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- RAMALHO, M. A. P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. Piracicaba, 1977. 122p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- RAMALHO, M. A. P. & VENCovsky, R. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (11): 118-26, 1977.
- RISSI, R. Estimação de parâmetros genéticos em duas subpopulações da variedade de milho (*Zea mays* L.) Piranão. Piracicaba, 1980. 87p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).

- RISSI, R. & PATERNIANI, E. Estimates of genetic parameters in two sub-populations of the variety of maize (*Zea mays* L.) Piranão. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, 4 (4): 579-92, 1981.
- RISSI, R. & PATERNIANI, E. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos nas populações de milho Piranão A e B. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (10): 167-73, 1976.
- SAMPAIO, N. F. Propriedades genéticas e potencial para o melhoramento dos compostos de milho (*Zea mays* L.) ESALQ-PB 4 e ESALQ-PB 5. Piracicaba, 1986. 105p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- SANTOS, M. X. & MIRANDA FILHO, J. B. Genetic potencial of two Brazilian races of maize (*Zea mays* L.) for breeding purposes. **Journal of Genetics and Breeding**, Roma, 46 (1): 83-90, 1992.
- SANTOS, M. X. & NASPOLINI FILHO, V. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) Dentado Composto Nordeste. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, 9 (2): 307-19, 1986.
- SANTOS, M. X. & NASPOLINI FILHO, V. Estimativas de parâmetros genéticos para peso de espigas na população de milho Flint Composto Nordeste. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, 21 (7): 739-46, 1986.
- SAWAZAKI, E. Treze ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para produção de grãos no milho IAC Maya. Piracicaba, 1979. 99p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).

- SILVA, J. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Cateto Colômbia Composto. Piracicaba, 1969. 74p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- SOARES FILHO, W. S. Características fenotípicas e genéticas das populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico Piranão-VD-2B e Piranão-VF-1B. Piracicaba, 1987. 185p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- SOUZA JÚNIOR, C. L. Introdução. In: **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba, FEALQ, 1989. p. 1-3.
- SOUZA JÚNIOR, C. L.; GERALDI, I. O.; ZINSLY, J. R. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de alguns caracteres na população de milho (*Zea mays* L.) Suwan. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (14): 139-45, 1980a.
- SOUZA JÚNIOR, C. L.; GERALDI, I. O.; ZINSLY, J. R. Correlações genéticas e fenotípicas entre seis caracteres da população de milho (*Zea mays* L.) Suwan. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (14): 146-52, 1980b.
- SOUZA JÚNIOR, C. L. & MIRANDA FILHO, J. B. Genetic variability in two maize (*Zea mays* L.) populations and its relationship with intra- and interpopulation recurrent selection. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, 12 (2): 271-85, 1989.
- SOUZA JÚNIOR, C. L.; SANTOS, M. X.; MAGNAVACA, R.; GAMA, E. E. G. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho BR-105 x BR-106 e suas implicações no melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, 28 (4): 473-9, 1993.

- STEEL, R. G. D. & TORRIE, J. H. Analysis of variance II: multiway classifications. In: **Principles and procedures of statistics; a biometrical approach**. 2. ed. New York, McGraw-Hill Book, 1980. cap. 9, p. 195-238.
- SUAREZ LEZCANO, R. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) Composto Flint Branco. Piracicaba, 1976. 52p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- TORRES SEGOVIA, R. Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) Centralmex. Piracicaba, 1976. 98p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- TOSELLO, G. A. & GERALDI, I. O. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para caracteres da planta e da qualidade do grão na população de milho ESALQ-VD Opaco. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (14): 183-9, 1980a.
- TOSELLO, G. A. & GERALDI, I. O. Correlações genéticas e fenotípicas envolvendo caracteres da planta e da qualidade do grão na população ESALQ-VD Opaco de milho. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (14): 190-3, 1980b.
- TOSELLO, G. A.; SOUZA JÚNIOR, C. L.; GERALDI, I. O. Estimativas de parâmetros genéticos de caracteres da planta e da qualidade do grão em uma população de milho opaco (*Zea mays* L.). **Anais da ESALQ**, Piracicaba, 44 (1): 627-42, 1987.
- VELLO, N. A. & VENCovsky, R. Variâncias associadas às estimativas de variância genética e coeficientes de herdabilidade. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, Piracicaba, (8): 238-48, 1974.

- VENCOVSKY, R. Herança Quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção de milho**. 2. ed. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v. 1, cap 5, p. 137-214.
- VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto, SBG, 1992. 486p.
- WINKLER, E. I. G. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) Composto Dentado Branco. Piracicaba, 1977. 54p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- ZIMBACK, L. Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em uma variedade de milho dentado braquítico opaco (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1985. 169p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- ZINSLY, J. R. Estudo comparativo entre a seleção massal e a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1969. 52p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).

TABELAS

Tabela 1. Quadro da análise da variância, com fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), quadrados médios (QM) e esperanças dos quadrados médios [E(QM)], correspondente ao modelo matemático utilizado, para 25 progênies.

FV	GL	QM	E(QM)
LOCAIS	1		
REPETIÇÕES/LOCAIS	2		
PROGÊNIES	24	QM _p	$\sigma_E^2 + j\sigma_{PL}^2 + jk\sigma_P^2$
PROGÊNIESxLOCAIS	24	QM _{pL}	$\sigma_E^2 + j\sigma_{PL}^2$
ERRO MÉDIO	48	QM _E	σ_E^2

Tabela 2. Quadro da análise da variância, com fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), quadrados médios (QM) e esperanças dos quadrados médios [E(QM)], correspondente ao modelo matemático utilizado, para 50 progênies.

FV	GL	QM	E(QM)
EXPERIMENTOS	1		
LOCAIS/EXPERIMENTOS	2		
REPETIÇÕES/LOCAIS/EXPERIMENTOS	4		
PROGÊNIES/EXPERIMENTOS	48	QM _p	$\sigma_E^2 + j\sigma_{PL}^2 + jk\sigma_P^2$
PROGÊNIESxLOCAIS/EXPERIMENTOS	48	QM _{pL}	$\sigma_E^2 + j\sigma_{PL}^2$
ERRO MÉDIO	96	QM _E	σ_E^2

Tabela 3. Quadro da análise da variância, com fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), quadrados médios (QM) e esperanças dos quadrados médios [E(QM)], correspondente ao modelo matemático utilizado, para 75 progênies.

FV	GL	QM	E(QM)
EXPERIMENTOS	2		
LOCAIS/EXPERIMENTOS	3		
REPETIÇÕES/LOCAIS/EXPERIMENTOS	6		
PROGÊNIES/EXPERIMENTOS	72	QM _p	$\sigma_E^2 + j\sigma_{PL}^2 + jk\sigma_P^2$
PROGÊNIESxLOCAIS/EXPERIMENTOS	72	QM _{pL}	$\sigma_E^2 + j\sigma_{PL}^2$
ERRO MÉDIO	144	QM _E	σ_E^2

Tabela 4. Quadro da análise da variância, com fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), quadrados médios (QM) e esperanças dos quadrados médios [E(QM)], correspondente ao modelo matemático utilizado, para 100 progênies.

FV	GL	QM	E(QM)
EXPERIMENTOS	3		
LOCAIS/EXPERIMENTOS	4		
REPETIÇÕES/LOCAIS/EXPERIMENTOS	8		
PROGÊNIES/EXPERIMENTOS	96	QM _p	$\sigma_E^2 + j\sigma_{PL}^2 + jk\sigma_P^2$
PROGÊNIESxLOCAIS/EXPERIMENTOS	96	QM _{pL}	$\sigma_E^2 + j\sigma_{PL}^2$
ERRO MÉDIO	192	QM _E	σ_E^2

Tabela 5. Valores dos coeficientes de variação experimental (CVe) e dos coeficientes de variação genética (CVg), expressos em porcentagem, e das médias populacionais ($\bar{x}$), para os caracteres peso de espigas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (AE/AP) e índice de espigas (IE), relativos às progênes de meios irmãos.

Número de progênes	PE (g/planta)			AP (cm/planta)			AE (cm/planta)			AE/AP			IE		
	CVe	CVg	$\bar{x}$	CVe	CVg	$\bar{x}$	CVe	CVg	$\bar{x}$	CVe	CVg	$\bar{x}$	CVe	CVg	$\bar{x}$
25	16,93	6,44	146,3	6,49	2,86	220,3	7,61	3,08	115,9	3,84	0,85	0,526	16,35	5,78	1,045
50	18,96	7,74	145,3	7,09	3,14	215,4	7,64	3,39	113,9	3,65	1,20	0,528	19,99	4,94	1,064
75	17,83	6,59	147,3	6,72	2,74	216,1	7,10	2,96	113,1	3,57	0,86	0,522	18,76	2,83	1,073
100	16,86	7,74	146,2	6,69	2,72	218,0	7,43	3,46	113,4	4,33	1,22	0,519	17,46	3,83	1,068

Tabela 6. Valores dos coeficientes de variação experimental (CVe) e dos coeficientes de variação genética (CVg), expressos em porcentagem, e das médias populacionais ($\bar{x}$), para os caracteres peso de espigas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (AE/AP) e índice de espigas (IE), relativos às progênes de irmãos germanos.

Número de progênes	PE (g/planta)			AP (cm/planta)			AE (cm/planta)			AE/AP			IE		
	CVe	CVg	$\bar{x}$	CVe	CVg	$\bar{x}$	CVe	CVg	$\bar{x}$	CVe	CVg*	$\bar{x}$	CVe	CVg	$\bar{x}$
25	17,54	13,50	151,3	7,12	2,87	218,5	6,89	3,91	114,5	4,93	-	0,524	19,84	8,13	1,091
50	17,08	10,79	147,2	6,33	3,14	213,7	6,85	3,83	113,4	4,37	-	0,530	18,01	5,04	1,084
75	17,62	9,89	145,1	6,22	3,00	214,7	6,62	3,52	112,7	4,21	-	0,524	17,87	5,71	1,073
100	17,64	10,11	143,9	6,07	4,19	217,6	6,99	5,77	114,1	4,86	1,48	0,523	17,50	5,43	1,070

* As três primeiras estimativas não puderam ser obtidas, em razão das estimativas negativas da variância genética.

Tabela 7. Valores dos quadrados médios das progênes (QM_p), dos quadrados médios das interações entre progênes e locais (QM_{pl}) e dos quadrados médios dos erros (QM_e), para os caracteres peso de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), relativos às progênes de meios irmãos.

Número de progênes	PE (g/planta) ²			AP (cm/planta) ²			AE (cm/planta) ²		
	QM _p	QM _{pl}	QM _e	QM _p	QM _{pl}	QM _e	QM _p	QM _{pl}	QM _e
25	1037,29	682,33	613,49	255,34	96,63	204,49	104,73	53,72	77,83
50	1060,90	554,94	759,44	305,30	122,46	233,15	117,61	58,13	75,65
75	956,22	578,69	690,11	279,60	139,87	211,10	103,81	58,84	64,18
100	1033,24	521,03	607,35	289,21	149,05	212,52	126,51	65,00	71,02

Tabela 8. Valores dos quadrados médios das progênes (QM_p), dos quadrados médios das interações entre progênes e locais (QM_{pl}) e dos quadrados médios dos erros (QM_e), para os caracteres peso de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), relativos às progênes de irmãos germanos.

Número de progênes	PE (g/planta) ²			AP (cm/planta) ²			AE (cm/planta) ²		
	QM _p	QM _{pl}	QM _e	QM _p	QM _{pl}	QM _e	QM _p	QM _{pl}	QM _e
25	2221,61	552,67	722,02	291,50	134,69	242,18	148,78	68,54	62,16
50	1555,00	546,29	632,43	320,17	139,51	183,19	146,94	71,38	60,26
75	1409,05	584,60	654,44	306,30	140,83	178,48	126,51	63,59	55,73
100	1392,35	545,53	644,52	475,82	144,00	174,51	242,68	69,10	63,64

Tabela 9. Valores dos quadrados médios das progênes (QM_p), dos quadrados médios das interações entre progênes e locais (QM_{pL}) e dos quadrados médios dos erros (QM_E), para os caracteres posição relativa da espiga (AE/AP) e índice de espigas (IE), relativos às progênes de meios irmãos.

Número de progênes	AE/AP				IE		
	QM _p x 10 ⁻⁴	QM _{pL} x 10 ⁻⁴	QM _E x 10 ⁻⁴	QM _p x 10 ⁻⁴	QM _{pL} x 10 ⁻⁴	QM _E x 10 ⁻⁴	QM _E x 10 ⁻⁴
25	5,05	4,14	4,08	348,56	202,63	292,02	292,02
50	5,77	4,17	3,70	429,16	318,89	452,73	452,73
75	5,08	4,23	3,47	383,97	347,01	405,77	405,77
100	6,36	4,90	5,05	405,85	338,91	347,76	347,76

Tabela 10. Valores dos quadrados médios das progênes (QM_p), dos quadrados médios das interações entre progênes e locais (QM_{pL}) e dos quadrados médios dos erros (QM_E), para os caracteres posição relativa da espiga (AE/AP) e índice de espigas (IE), relativos às progênes de irmãos germanos.

Número de progênes	AE/AP				IE		
	QM _p x 10 ⁻⁴	QM _{pL} x 10 ⁻⁴	QM _E x 10 ⁻⁴	QM _p x 10 ⁻⁴	QM _{pL} x 10 ⁻⁴	QM _E x 10 ⁻⁴	QM _E x 10 ⁻⁴
25	9,74	11,50	6,66	658,66	344,05	468,32	468,32
50	8,13	10,61	5,35	520,72	401,38	381,25	381,25
75	6,43	8,35	4,87	512,57	362,58	367,65	367,65
100	11,75	9,21	6,47	444,72	310,15	350,86	350,86

Tabela 11. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênie (σ_P²), variância das interações entre progênie e locais (σ_{PL}²), variância do erro experimental (σ_E²), variância fenotípica entre médias de progênie (σ_F²), herdabilidade ao nível de médias de progênie (h_F²) e ganho de seleção (Gs), para o caráter peso de espigas (PE), relativas às progênie de meios irmãos. Variâncias em (g/planta)², herdabilidade em % e Gs em g/planta e em percentual (nos parênteses).

Parâmetros	Nº de progênie					
	25		50		75	
	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros
σ _P ²	88,74	86,89	126,49	59,86	94,38	45,94
σ _{PL} ²	34,42	112,77	-102,25	77,60	-55,71	62,40
σ _E ²	613,49	122,70	759,44	108,49	690,11	80,77
σ _F ²	259,32	71,92	265,23	53,05	239,05	39,30
h _F ²	34,22	33,20	47,69	22,57	39,48	19,22
Gs	9,67 (6,61 %)		13,63 (9,38 %)		10,71 (7,27 %)	
					13,98 (9,56 %)	

Tabela 12. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênie (σ_P²), variância das interações entre progênie e locais (σ_{PL}²), variância do erro experimental (σ_E²), variância fenotípica entre médias de progênie (σ_F²), herdabilidade ao nível de médias de progênie (h_F²) e ganho de seleção (Gs), para o caráter peso de espigas (PE), relativas às progênie de irmãos germanos. Variâncias em (g/planta)², herdabilidade em % e Gs em g/planta e em percentual (nos parênteses).

Parâmetros	Nº de progênie					
	25		50		75	
	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros
σ _P ²	417,23	158,74	252,18	82,41	206,11	62,70
σ _{PL} ²	-84,68	105,30	-43,07	70,89	-34,92	61,45
σ _E ²	722,02	144,40	632,43	90,35	654,44	76,60
σ _F ²	555,40	154,04	388,75	77,75	352,26	57,91
h _F ²	75,12	28,58	64,87	21,19	58,51	17,80
Gs	31,07 (20,53 %)		22,45 (15,24 %)		19,27 (13,27 %)	
					19,91 (13,84 %)	

Tabela 13. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênie (σ_P²), variância das interações entre progênie e locais (σ_{PL}²), variância do erro experimental (σ_E²), variância fenotípica entre médias de progênie (σ_F²), herdabilidade ao nível de médias de progênie (h_x²) e ganho de seleção (Gs), para o caráter altura da planta (AP), relativas às progênie de meios irmãos. Variâncias em (cm/planta)², herdabilidade em % e Gs em cm/planta e em percentual (nos parênteses).

Parâmetros	Nº de progênie					
	25		50		75	
	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros
σ _P ²	39,68	18,93	45,71	16,45	35,06	12,84
σ _{PL} ²	-53,93	24,45	-55,34	20,67	-35,86	16,85
σ _E ²	204,49	40,90	233,15	33,31	211,10	24,71
σ _F ²	63,84	17,70	76,33	15,27	69,90	11,49
h _x ²	62,15	29,66	59,90	21,55	50,15	18,37
Gs	8,72 (3,96 %)		9,18 (4,26 %)		7,36 (3,41 %)	
					7,23 (3,32 %)	

Tabela 14. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênie (σ_P²), variância das interações entre progênie e locais (σ_{PL}²), variância do erro experimental (σ_E²), variância fenotípica entre médias de progênie (σ_F²), herdabilidade ao nível de médias de progênie (h_x²) e ganho de seleção (Gs), para o caráter altura da planta (AP), relativas às progênie de irmãos germanos. Variâncias em (cm/planta)², herdabilidade em % e Gs em cm/planta e em percentual (nos parênteses).

Parâmetros	Nº de progênie					
	25		50		75	
	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros
σ _P ²	39,20	22,27	45,17	17,46	41,37	13,86
σ _{PL} ²	-53,75	30,58	-21,84	19,13	-18,82	15,59
σ _E ²	242,18	48,44	183,19	26,17	178,48	20,89
σ _F ²	72,88	20,21	80,04	16,01	76,58	12,59
h _x ²	53,79	30,55	56,43	21,82	54,02	18,09
Gs	8,06 (3,69 %)		8,86 (4,14 %)		8,30 (3,86 %)	
					13,35 (6,13 %)	

Tabela 15. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênie (σ_P²), variância das interações entre progênie e locais (σ_{PL}²), variância do erro experimental (σ_E²), variância fenotípica entre médias de progênie (σ_F²), herdabilidade ao nível de médias de progênie (h_F²) e ganho de seleção (Gs), para o caráter altura da espiga (AE), relativas às progênie de meios irmãos. Variâncias em (cm/planta)², herdabilidade em % e Gs em cm/planta e em percentual (nos parênteses).

Parâmetros	Nº de progênie					
	25		50		75	
	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros
σ _P ²	12,75	8,16	14,87	6,56	11,24	4,90
σ _{PL} ²	-12,05	10,77	-8,76	7,94	-2,67	6,12
σ _E ²	77,83	15,57	75,65	10,81	64,18	7,51
σ _F ²	26,18	7,26	29,40	5,88	25,95	4,27
h _F ²	48,70	31,17	50,57	22,31	43,32	18,90
Gs	4,37 (3,77 %)		4,81 (4,23 %)		3,87 (3,42 %)	
					4,80 (4,23 %)	

Tabela 16. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênie (σ_P²), variância das interações entre progênie e locais (σ_{PL}²), variância do erro experimental (σ_E²), variância fenotípica entre médias de progênie (σ_F²), herdabilidade ao nível de médias de progênie (h_F²) e ganho de seleção (Gs), para o caráter altura da espiga (AE), relativas às progênie de irmãos germanos. Variâncias em (cm/planta)², herdabilidade em % e Gs em cm/planta e em percentual (nos parênteses).

Parâmetros	Nº de progênie					
	25		50		75	
	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros
σ _P ²	20,06	11,36	18,89	8,17	15,73	5,82
σ _{PL} ²	3,19	11,36	5,56	8,34	3,93	6,16
σ _E ²	62,16	12,43	60,26	8,61	55,73	6,52
σ _F ²	37,19	10,32	36,73	7,35	31,63	5,20
h _F ²	53,93	30,54	51,42	22,24	49,74	18,40
Gs	5,77 (5,04 %)		5,47 (4,82 %)		4,91 (4,35 %)	
					9,78 (8,57 %)	

Tabela 17. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênie (σ_P²), variância das interações entre progênie e locais (σ_{PL}²), variância do erro experimental (σ_E²), variância fenotípica entre médias de progênie (σ_F²), herdabilidade ao nível de médias de progênie (h_F²) e ganho de seleção (Gs), para o caráter posição relativa da espiga (AE/AP), adimensional, relativas às progênie de meios irmãos. Herdabilidade em % e Gs em números absolutos e em percentuais (nos parênteses).

Parâmetros	Nº de progênie					
	25		50		75	
	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros
σ _P ² x 10 ⁻⁵	2,25	4,00	4,00	4,00	2,00	3,00
σ _{PL} ² x 10 ⁻⁵	0,50	7,00	2,00	5,00	4,00	4,00
σ _E ² x 10 ⁻⁵	40,82	8,00	37,07	5,00	34,73	4,00
σ _F ² x 10 ⁻⁵	12,50	3,00	14,25	3,00	12,50	2,00
h _F ²	18,00	35,87	28,07	24,64	16,00	21,47
Gs x 10 ⁻³	3,53 (0,67 %)		5,88 (1,11 %)		3,14 (0,60 %)	4,89 (0,94 %)

Tabela 18. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênie (σ_P²), variância das interações entre progênie e locais (σ_{PL}²), variância do erro experimental (σ_E²), variância fenotípica entre médias de progênie (σ_F²), herdabilidade ao nível de médias de progênie (h_F²) e ganho de seleção (Gs), para o caráter posição relativa da espiga (AE/AP), adimensional, relativas às progênie de irmãos germanos. Herdabilidade em % e Gs em números absolutos e em percentuais (nos parênteses).

Parâmetros	Nº de progênie					
	25		50		75	
	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros
σ _P ² x 10 ⁻⁵	-4,50	10,00	-6,25	7,00	-4,75	4,00
σ _{PL} ² x 10 ⁻⁵	24,50	17,00	26,50	11,00	17,50	7,00
σ _E ² x 10 ⁻⁵	66,62	13,00	53,56	8,00	48,76	6,00
σ _F ² x 10 ⁻⁵	24,25	7,00	20,25	4,00	16,00	3,00
h _F ²	-	-	-	-	-	-
Gs x 10 ⁻³	-	-	-	-	21,37	18,37
					6,41 (1,23 %)	

* As estimativas da herdabilidade e do ganho esperado com seleção para os três primeiros tamanhos das amostras (25, 50 e 75 progênie) não foram obtidas, em função das estimativas negativas da variância genética.

Tabela 19. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênie (σ_P²), variância das interações entre progênie e locais (σ_{PL}²), variância do erro experimental (σ_E²), variância fenotípica entre médias de progênie (σ_F²), herdabilidade ao nível de médias de progênie (h_F²) e ganho de seleção (Gs), para o caráter índice de espigas (IE), adimensional, relativas às progênie de meios irmãos. Herdabilidade em % e Gs em números absolutos e em percentuais (nos parênteses).

Parâmetros	Nº de progênie							
	25		50		75		100	
	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros
$\sigma_P^2 \times 10^{-3}$	3,65	2,80	2,76	2,67	0,92	2,13	1,67	1,89
$\sigma_{PL}^2 \times 10^{-3}$	-4,47	4,05	-6,70	4,54	-2,94	3,71	-0,44	3,00
$\sigma_E^2 \times 10^{-3}$	29,20	5,84	45,27	6,47	40,57	4,75	34,77	3,53
$\sigma_F^2 \times 10^{-3}$	8,71	2,42	10,73	2,15	9,60	1,58	10,15	1,45
h_x^2	41,87	32,08	25,71	24,92	9,61	22,16	16,49	18,61
$G_s \times 10^{-3}$	68,58 (6,56 %)		46,72 (4,39 %)		16,53 (1,54 %)		29,14 (2,73 %)	

Tabela 20. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênie (σ_P²), variância das interações entre progênie e locais (σ_{PL}²), variância do erro experimental (σ_E²), variância fenotípica entre médias de progênie (σ_F²), herdabilidade ao nível de médias de progênie (h_F²) e ganho de seleção (Gs), para o caráter índice de espigas (IE), adimensional, relativas às progênie de irmãos germanos. Herdabilidade em % e Gs em números absolutos e em percentuais (nos parênteses).

Parâmetros	Nº de progênie							
	25		50		75		100	
	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros	Estimativas	Erros
$\sigma_P^2 \times 10^{-3}$	7,87	5,15	2,99	3,29	3,75	2,58	3,37	1,94
$\sigma_{PL}^2 \times 10^{-3}$	-6,21	6,68	1,00	4,85	-0,26	3,68	-2,04	2,84
$\sigma_L^2 \times 10^{-3}$	46,83	9,37	38,12	5,45	36,76	4,30	35,08	3,56
$\sigma_F^2 \times 10^{-3}$	16,47	4,57	13,02	2,60	12,81	2,11	11,12	1,59
h_x^2	47,77	31,29	22,93	25,25	29,27	20,14	30,27	17,42
$G_s \times 10^{-3}$	107,57 (9,86 %)		45,92 (4,24 %)		58,14 (5,42 %)		56,01 (5,23 %)	

Tabela 21. Produtos médios entre progênie (PMp) e das interações entre progênie e locais (PMpL), relativos às progênie de meios irmãos.

Caracteres	Nº de progênie							
	25		50		75		100	
	PMp	PMpL	PMp	PMpL	PMp	PMpL	PMp	PMpL
PE x AP	151,14	17,08	260,61	61,56	227,18	74,44	214,39	64,54
PE x AE	80,92	15,27	147,16	38,78	127,85	45,54	125,78	38,46
PE x AE/AP x 10 ⁻³	9,07	19,02	53,88	30,67	44,98	45,65	70,74	33,57
PE x IE	5,11	2,14	4,62	2,14	3,71	2,12	3,60	1,99
AP x AE	146,35	58,74	169,76	71,64	152,17	76,47	170,00	80,68
AP x AE/AP x 10 ⁻³	45,45	34,36	42,91	32,37	30,61	17,49	92,40	19,74
AP x IE x 10 ⁻¹	7,98	2,88	5,15	1,72	4,01	0,37	5,22	2,41
AE x AE/AP x 10 ⁻¹	1,28	1,06	1,39	1,00	1,19	0,93	1,81	1,12
AE x IE x 10 ⁻¹	4,76	1,11	3,79	1,63	2,76	1,72	3,15	2,60
AE/AP x IE x 10 ⁻³	0,36	-0,26	0,59	0,41	0,38	0,83	0,32	0,74

Tabela 22. Produtos médios entre progênes (PMp) e das interações entre progênes e locais (PMpL), relativos às progênes de irmãos gemanos.

Caracteres	Nº de progênes							
	25		50		75		100	
	PMp	PMpL	PMp	PMpL	PMp	PMpL	PMp	PMpL
PE x AP	225,61	-14,09	193,25	26,62	149,23	47,00	285,45	42,08
PE x AE	150,70	2,76	125,23	43,76	95,60	38,95	175,43	49,57
PE x AE/AP x 10 ⁻³	127,50	33,58	108,61	142,79	82,49	66,16	130,01	121,33
PE x IE	6,73	1,69	4,33	2,38	4,77	2,52	4,17	2,02
AP x AE	177,74	55,41	191,84	63,93	175,59	65,97	303,92	64,98
AP x AE/AP x 10 ⁻³	102,79	-74,88	102,10	-46,41	66,90	-40,34	250,75	-40,68
AP x IE x 10 ⁻¹	11,15	-4,18	4,31	0,60	6,10	2,54	4,95	1,62
AE x AE/AP x 10 ⁻¹	2,57	1,94	2,19	1,88	1,65	1,45	3,84	1,70
AE x IE x 10 ⁻¹	2,00	-2,56	-0,24	1,55	1,18	1,55	0,17	0,60
AE/AP x IE x 10 ⁻³	-2,10	-0,31	-1,33	0,57	-1,02	0,08	-1,12	-0,17

Tabela 23. Estimativas dos coeficientes de correlação genética (r_p) entre os caracteres estudados, relativas às progênes de meios irmãos.

	Número de Progênes	AP	AE	AE/AP	IE
PE	25	0,56	0,49	-0,06	1,30
	50	0,65	0,62	0,08	1,05
	75	0,66	0,63	-0,00	1,35
	100	0,56	0,49	0,14	0,87
AP	25		0,97	0,09	0,34
	50	-	0,94	0,06	0,24
	75		0,95	0,12	0,51
	100		0,96	0,52	0,29
AE	25			0,32	0,42
	50	-	-	0,40	0,27
	75			0,43	0,26
	100			0,74	0,09
AE/AP	25				0,54
	50	-	-	-	0,14
	75				-0,82
	100				-0,44

Tabela 24. Estimativas dos coeficientes de correlação genética (r_p) entre os caracteres estudados, relativas às progênes de irmãos germanos.

	Número de Progênes	AP	AE	AE/AP*	IE
PE	25	0,47	0,40	-	0,70
	50	0,39	0,30	-	0,56
	75	0,28	0,25	-	0,64
	100	0,46	0,33	0,02	0,64
AP	25		1,09	-	0,69
	50	-	1,09	-	0,25
	75		1,07	-	0,23
	100		1,00	1,01	0,16
AE	25			-	0,29
	50	-	-	-	-0,19
	75			-	-0,04
	100			1,03	-0,03
AE/AP*	25				-
	50	-	-	-	-
	75				-
	100				-0,52

*Algumas correlações envolvendo o caráter AE/AP não puderam ser obtidas, em razão das estimativas negativas da variância genética.

FIGURAS

Figura 1. Estimativas da variância genética entre progênies, relativas às progênies de meios irmãos, para o caráter peso de espigas.

Figura 2. Estimativas da variância genética entre progênies, relativas às progênies de irmãos germanos, para o caráter peso de espigas.

Figura 3. Estimativas da variância genética entre progênies, relativas às progênies de meios irmãos, para o caráter altura da planta.

Figura 4. Estimativas da variância genética entre progênies, relativas às progênies de irmãos germanos, para o caráter altura da planta.

Figura 5. Estimativas da variância genética entre progênies, relativas às progênies de meios irmãos, para o caráter altura da espiga.

Figura 6. Estimativas da variância genética entre progênies, relativas às progênies de irmãos germanos, para o caráter altura da espiga.

Figura 7. Estimativas da variância genética entre progênie, relativas às progênie de meios irmãos, para o caráter posição relativa da espiga.

Figura 8. Estimativas da variância genética entre progênie, relativas às progênie de irmãos germanos, para o caráter posição relativa da espiga.

Figura 9. Estimativas da variância genética entre progênies, relativas às progênies de meios irmãos, para o caráter índice de espigas.

Figura 10. Estimativas da variância genética entre progênies, relativas às progênies de irmãos germanos, para o caráter índice de espigas.

Figura 11. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de meios irmãos, para o caráter peso de espigas.

Figura 12. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de irmãos germanos, para o caráter peso de espigas.

Figura 13. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênies de meios irmãos, para o caráter altura da planta.

Figura 14. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênies de irmãos germanos, para o caráter altura da planta.

Figura 15. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de meios irmãos, para o caráter altura da espiga.

Figura 16. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de irmãos germanos, para o caráter altura da espiga.

Figura 17. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de meios irmãos, para o caráter posição relativa da espiga.

Figura 18. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de irmãos germanos, para o caráter posição relativa da espiga.

Figura 19. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de meios irmãos, para o caráter índice de espigas.

Figura 20. Estimativas da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes de irmãos germanos, para o caráter índice de espigas.